

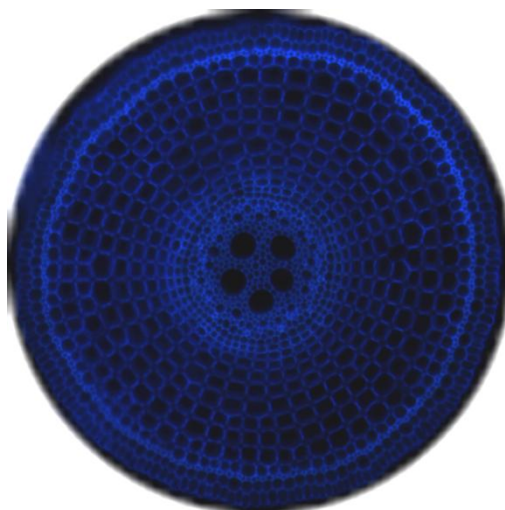
RAPPORT DE STAGE DE MASTER 2  
Parcours « Biodiversité Végétale Tropicale »

## **Variabilité génétique de l'architecture du système racinaire d'une collection de riz de type indica**

---

**SUONG Malyna**

Du 15 janvier au 15 juillet 2012



Encadrant : Dr. COURTOIS Brigitte

Co-encadrant : Dr. AUDEBERT Alain

Laboratoire d'accueil : CIRAD Campus Lavalette, UMR AGAP, unité DAR « Développement  
Adaptatif du Riz », Avenue Agropolis, 34398 Montpellier Cedex5 France



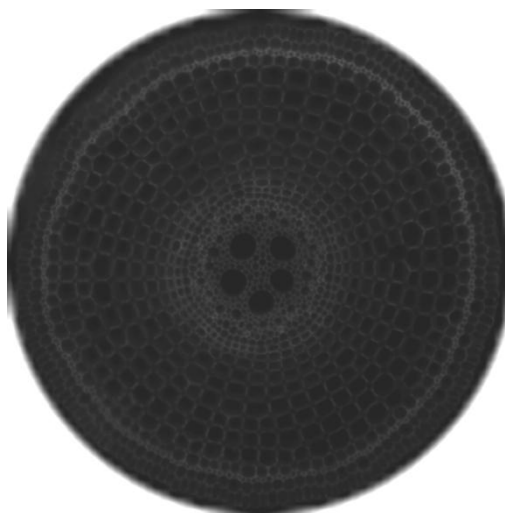
RAPPORT DE STAGE DE MASTER 2  
Parcours « Biodiversité Végétale Tropicale »

## **Variabilité génétique de l'architecture du système racinaire d'une collection de riz de type indica**

---

**SUONG Malyna**

Du 15 janvier au 15 juillet 2012



Encadrant : Dr. COURTOIS Brigitte

Co-encadrant : Dr. AUDEBERT Alain

Laboratoire d'accueil : CIRAD Campus Lavalette, UMR AGAP, unité DAR « Développement  
Adaptatif du Riz », Avenue Agropolis, 34398 Montpellier Cedex5 Franc

## **PREFACE**

Le CIRAD, Centre de coopération Internationale de Recherche Agronomique pour le Développement, est un organisme scientifique spécialisé dans la recherche agronomique au service du développement dans les pays du Sud et l'outre-mer français. Il intervient dans plus de 40 pays du monde et comporte une unité de service (US), 13 unités propres de recherche (UPR) et 24 unités mixtes de recherche (UMR).

Mon stage a été effectué au sein de l'UMR AGAP « Amélioration Génétique et Adaptation des plantes méditerranéennes et tropicales », dans l'équipe DAR « Développement Adaptatif du Riz ».

L'objectif principal de l'équipe est de disséquer les mécanismes génétiques et moléculaires contrôlant l'architecture et l'anatomie du système racinaire du riz afin d'améliorer la captation des ressources du sol tout en évitant les toxicités minérales en conditions de contraintes abiotiques. L'ensemble de ces travaux a pour but d'améliorer la capacité de production de riz face à l'augmentation des besoins en riz.

## **REMERCIEMENTS**

Je remercie Dr. Jean-Christophe Glaszmann directeur de l'UMR AGAP « Amélioration Génétique et Adaptation des plantes méditerranéennes et tropicales », et Dr. Emmanuel Guiderdoni, responsable de l'équipe DAR « Développement Adaptatif du Riz » pour m'avoir accueillie dans leurs locaux.

Je tiens à remercier vivement mes encadrants de stage Dr. Brigitte Courtois et Dr. Alain Audebert, pour avoir rendu ce stage possible, pour leurs soutiens et leurs conseils prodigués.

Je remercie Ablanvi Amegee pour toute la démarche administrative de ce stage.

Je remercie Audrey Dardou, Sandrine Roques, Rémi Michel et Christian Chaine, pour l'ensemble des manipulations en serre, pour leur gentillesse et pour leur bonne humeur.

Je remercie Florence Artus pour m'avoir fait partager ses expériences en boîte de Petri.

Ma reconnaissance va également à Dr. Jean-Luc Verdeil et à l'ensemble de la plateforme PHIV pour leurs conseils et leurs aides concernant les études d'histologie.

Je tiens à remercier l'ensemble de l'UMR AGAP pour leur gentillesse et pour la très bonne ambiance.

## SOMMAIRE

<b>I. INTRODUCTION</b>	1
1.1. Le riz : une céréale très importante	1
1.2. La structure de l'espèce cultivée	1
1.3. Les différents types de rizicultures	2
1.4. Le changement climatique: des risques de sécheresse accrus pour le riz	2
1.5. Morphologie du système racinaire de riz : anatomie d'une racine	2
1.6. Caractères racinaires à améliorer	3
1.7. Amélioration génétique du riz	3
1.8. Déterminisme génétique des caractères racinaires	4
1.9. Les méthodes d'évaluation du système racinaire du riz	5
1.10. Objectif de l'étude	5
<b>II. MATERIEL ET METHODES</b>	6
2.1. Matériel	6
2.2. Méthodes	6
2.2.1. Phénotypage dans le Rhizoscope	6
a. La mise en place du système	6
- Préparation des blocs	6
- Préparation des rhizoboites	6
- Préparation de la solution nutritive	7
- Pré-germination et repiquage des semences	7
- Le dispositif expérimental	7
b. La récolte et les mesures	8
c. Prélèvement et fixation de pointes racinaires	8
2.2.2. Histologie	8
2.2.3. Analyses statistiques	9
<b>III. RESULTATS</b>	10
3.1. Analyse statistique des résultats du Rhizoscope	10
3.2. Analyse statistique des résultats d'histologie	10
3.3. Influence des données passeport	11
3.4. Corrélations entre caractères	11
3.5. Analyse en composantes principales (ACP)	12
<b>IV. DISCUSSION</b>	13
<b>V. CONCLUSION ET PERSPECTIVES</b>	16

## **LISTE DE FIGURES**

Figure 1 : Courbe de production et de consommation mondiale de riz usiné (1961-2010) .....	9
Figure 2 : Les différents types de rizicultures .....	2
Figure 3 : Les trois types principaux de racine de riz. ....	3
Figure 4 : Structure anatomique d'une racine de riz. ....	3
Figure 5 : Eléments composant le Rhizoscope.....	6
Figure 6 : Une rhizoboite contenant le système racinaire d'une plante de riz .....	6
Figure 7 : L'angle du cône racinaire ( $\alpha$ ) mesuré par le logiciel Image J.....	8
Figure 8 : Préparation des blocs d'agarose et le coupe avec le vibratome.....	8
Figure 9 : Paramètres mesurés par le logiciel Volocity.....	9
Figure 10 : Cercles des corrélations de l'ACP présenté les paramètres étudiés .....	12
Figure 11 : Résultats de l'ACP présentés le nom de variétés.....	13

## **LISTE DES TABLEAUX**

Tableau 1a : Résultats de l'analyse de variance pour les données du Rhizoscope .....	10
Tableau 1b : Résultats de l'analyse de variance pour les caractères anatomiques .....	10
Tableau 2 : Paramètres statistiques du panel d'association par caractère.....	11
Tableau 3 : Influence du type variétal (traditionnel versus amélioré), de la région d'origine et du groupe génétique d'appartenance sur les caractères histologies .....	11
Tableau 4 : Matrice de corrélation. ....	12

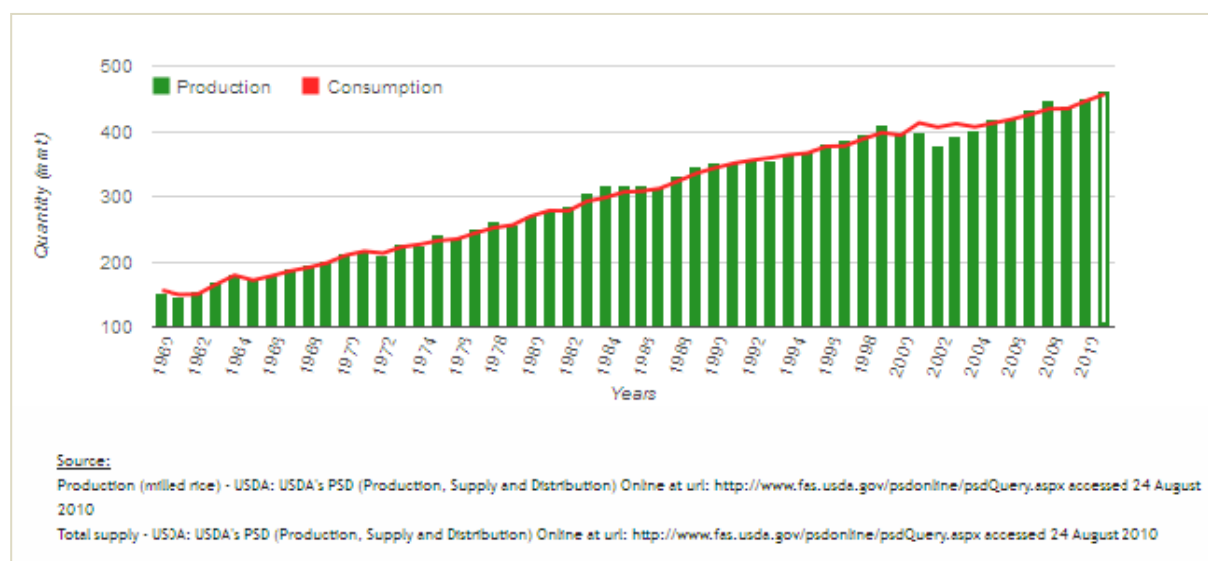
## **LISTE DES ANNEXES**

Annexe 1 : Liste des variétés de riz de type indica étudiés.	
Annexe 2 : Dendrogramme représentant la diversité génétique du panel indica.	
Annexe 3 : Composition de la solution nutritive.	
Annexe 4 : Cartographie des températures dans le Rhizoscope.	
Annexe 5 : Variabilité du système racinaire de quelques variétés de riz indica.	
Annexe 6 : Histogrammes des distributions de certains des caractères mesurés.	
Annexe 7 : Variation de diamètre de racines de riz.	

## **LISTE DES ABREVIATIONS**

CONE :	Angle du cône racinaire
CORTEX :	Nombre de couches cellulaire du cortex
DIAMETRE :	Diamètre général de la racine
EA :	Asie de l'Est
EAF :	Afrique de l'Est (Madagascar)
EQA :	Asie équatoriale
HGT :	Hauteur de la plante
LAM :	Amérique Latine
LENGTH :	Longueur maximale des racines
METAXY :	Nombre de vaisseaux du xylème
NBL :	Nombre de feuilles
NR_30 :	Nombre de racines en dessous de 30 cm de profondeur
RB0020 :	Masse de racines entre le plateau de tallage et 20 cm de profondeur
RB2030 :	Masse de racines entre 20 cm et 30 cm de profondeur
RB30+ :	Masse de racines en dessous de 30 cm de profondeur
R/S :	Rapport entre biomasse racinaire et biomasse aérienne (root /shoot ratio)
SA :	Asie du Sud
SB :	Matière sèche aérienne
SEA :	Asie du Sud-Est
STELE :	Diamètre général de la stèle
TB :	Biomasse totale (racinaire + aérienne)
TIL :	Nombre de talles
TRB :	Masse totale de racines
WAF :	Afrique de l'Ouest





**Figure 1 :** Courbe de production et de consommation mondiale de riz usiné de 1960 jusqu'à 2010.  
 Source : « World Production and Consumption of Domestic Milled Rice, IRRI ».

## **I. INTRODUCTION**

### **1.1. Le riz : une céréale très importante**

Le riz représente la première céréale pour l'alimentation humaine et la deuxième en termes de surface cultivée (156 millions d'hectares en 2007; <http://faostat.fao.org>). Cette céréale nourrit chaque jour plus de 2,6 milliards de personnes, notamment dans les pays en voie de développement (Trébuil et Hossain, 2004). Sa consommation annuelle peut dépasser 100 kg/ habitant dans certains pays comme Madagascar ou le Cambodge (165 kg/habitant).

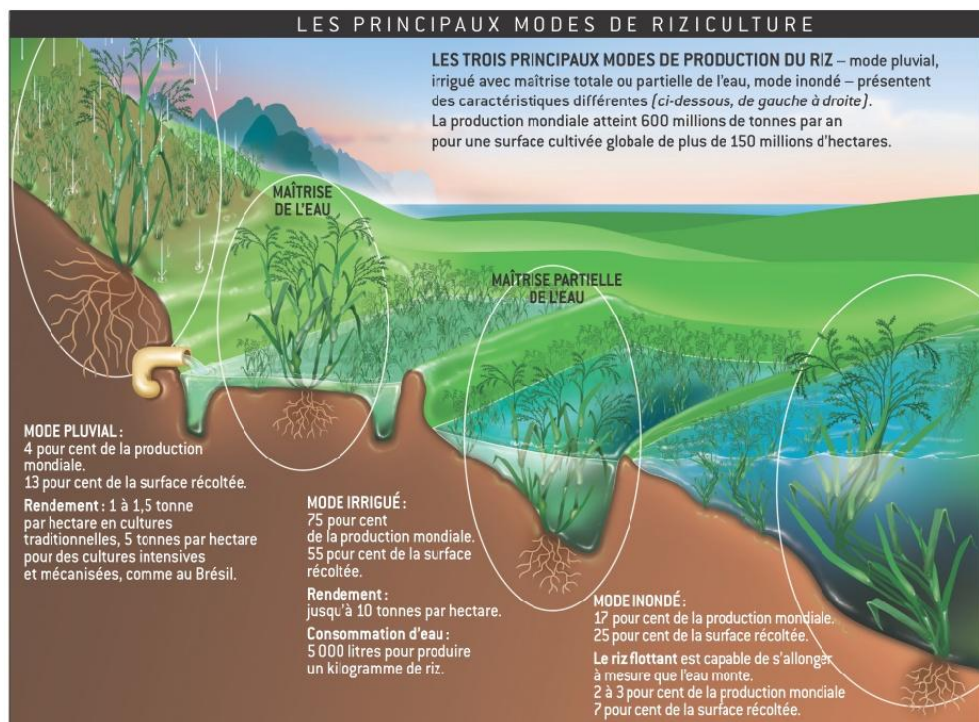
Les pays plus grands producteurs et également plus grands consommateurs de riz sont en Asie. Entre 1961 et 2010, la production annuelle mondiale de riz paddy a augmenté de 216 millions de tonnes à 673 millions de tonnes (<http://faostat.fao.org>). La consommation mondiale de riz usiné a augmenté en parallèle de 156 millions de tonnes en 1960 à 456 millions de tonnes en 2010 (Figure 1). Avec une augmentation de population mondiale d'un milliard tous les 14 ans, il est prévu, dans les 25 années à venir, une augmentation des besoins en riz de 40% à 60% (Trébuil et Hossain, 2004). Il sera donc nécessaire d'augmenter la production de 1,5% par an en utilisant à la fois moins de terre, moins d'eau, moins de substances chimiques (Courtois, 2007).

### **1.2. La structure de l'espèce cultivée**

D'un point de vue botanique, le riz est une Monocotylédone de la famille des Poacées. Le genre *Oryza* compte 24 espèces dont deux sont cultivées : *Oryza sativa* à distribution mondiale et *Oryza glaberrima* cantonnée à l'Afrique de l'Ouest (IRRI, 2005). L'espèce *O. sativa* est diploïde ( $2n=24$ ). Elle est autogame. Le taux de fécondation croisée est inférieur à 1% (Chandraratna, 1964). Les structures génétiques traditionnellement cultivées sont des lignées pures.

Il existe environ 107.000 accessions de l'espèce *Oryza sativa* dans la banque de gènes de l'IRRI (Courtois, 2007). Cette espèce est divisée en deux grands groupes qui sont clairement distingués sur la base de caractéristiques morphologiques, de comportement en croisement, et de marqueurs biochimiques et moléculaires : les indicas qui sont adaptés à la culture irriguée en conditions tropicales, et les japonicas qui ont une gamme d'adaptation beaucoup plus large (culture pluviale en conditions tropicales et culture irriguée en zone froide ou d'altitude).

Ces deux groupes résultent probablement d'une double domestication d'*Oryza sativa* qui se serait produite indépendamment en Inde et en Chine il y a environ 8 000 à 10 000 ans



**Figure 2 :** Les différents types de rizicultures. De gauche à droite : riziculture pluviale, riziculture irriguée avec une maîtrise parfaite de l'eau, riziculture inondée avec une maîtrise partielle de l'eau.  
Source : Coudert et al. (2010).

(Khush, 1987). Toutefois, les génomes des groupes indica et japonica semblent avoir divergé bien avant, il y a au moins 200.000 ans (Vitte et al. 2004).

### **1.3. Les différents types de rizicultures**

Le riz est cultivé dans des milieux très variés (Figure 2). D'origine semi-aquatique, il est caractérisé par une grande plasticité de ses conditions d'alimentation hydrique. Les types de rizicultures sont classés par rapport au degré de maîtrise de l'eau (Trébuil et Hossain, 2000) :

- Riziculture irriguée, caractérisée par une maîtrise parfaite de l'eau. Ce type de riziculture couvre 53% de surface et ne présente pas de problème de sécheresse.

- Riziculture inondée : cultivée dans des parcelles aplanies avec des diguettes, sans maîtrise de l'eau, elle peut être subdivisée en plusieurs catégories en fonction du risque plus ou moins élevée de sécheresse. Elle couvre 25% des surfaces.

- Riziculture pluviale : l'alimentation hydrique dépend uniquement de la pluviométrie. Elle couvre 13% des surfaces et le risque de sécheresse est élevé.

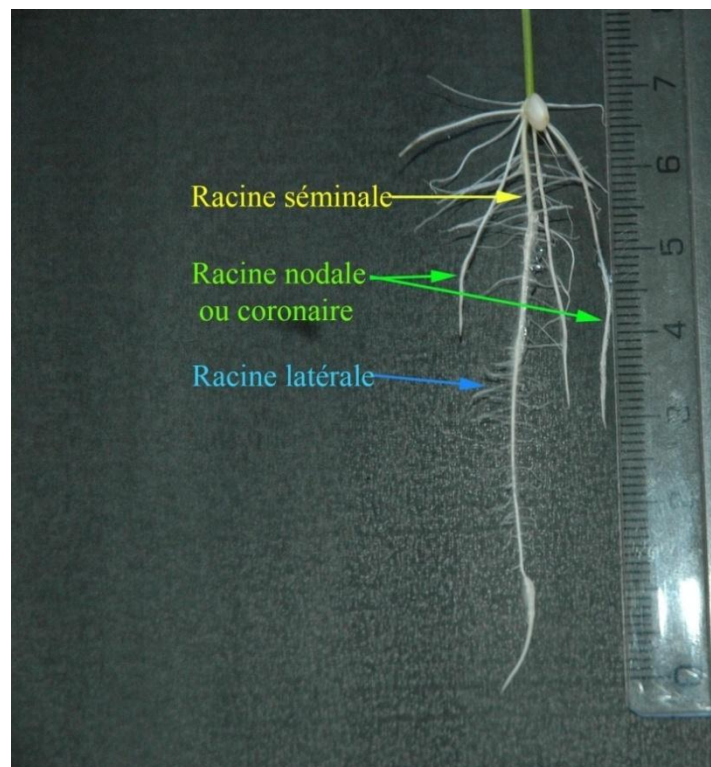
- Riziculture flottante : la croissance du riz suit la crue de grands fleuves. Elle occupe 9% des surfaces

### **1.4. Le changement climatique: des risques de sécheresse accrus pour le riz**

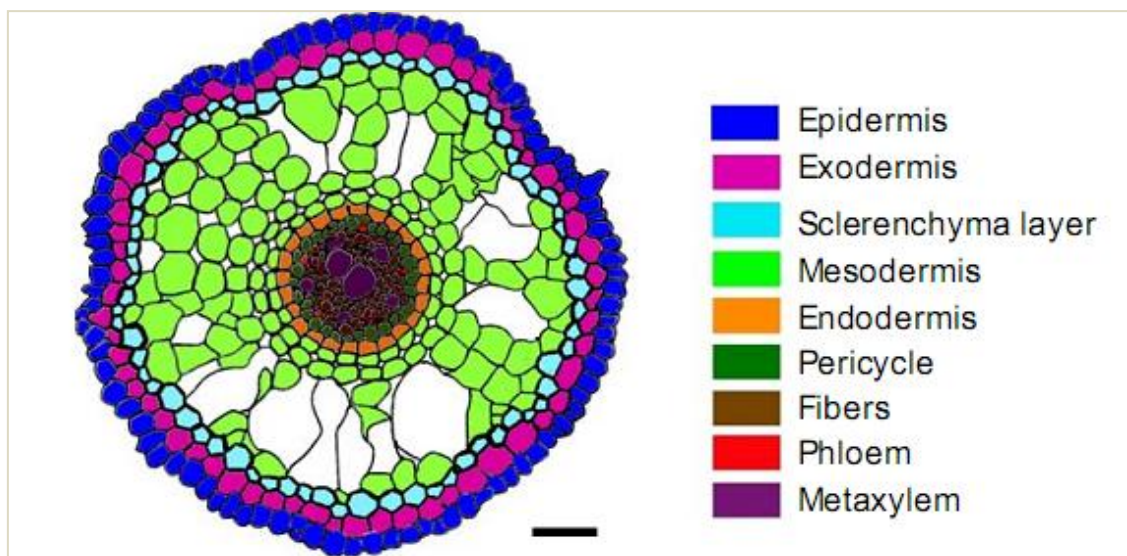
Le changement climatique va provoquer des problèmes majeurs dans la production mondiale de riz. L'un des problèmes les plus inquiétants est le risque accru de sécheresse (Bates et al. 2008), qui affecte déjà 20% de surface cultivé de riz en Asie (Pandey et Bhandari, 2008). Le riz est une plante exigeante en eau : 5 000 l d'eau sont nécessaires pour produire 1 kg de grains de riz irrigué. Le riz risque donc d'être particulièrement affecté par l'aggravation des sécheresses. Les rizicultures irriguée et inondée qui ont une maîtrise complète ou partielle de l'eau pourraient être un peu moins touchées que les autres types de riziculture mais, dans tous les cas, la compétition pour des utilisations non agricoles de l'eau ne fait qu'augmenter. Le développement de variétés de riz résistantes au stress hydrique et/ou à bonne efficience d'utilisation de l'eau est donc crucial.

### **1.5. Morphologie du système racinaire de riz : anatomie d'une racine**

Chez le riz, comme chez les autres plantes, le système racinaire est essentiel pour permettre aux plantes de résister au stress hydrique. Le système racinaire du riz comprend trois types principaux de racines (Figure 3) qui sont les racines séminales, les racines nodales (ou coronaires), et les racines latérales qui peuvent être subdivisées en racines latérales longues et racines latérales courtes (Rebouillat et al. 2008).



**Figure 3 :** Les trois types principaux de racine de riz.



**Figure 4 :** Structure anatomique d'une racine de riz (coupe radiale). Source : Rebouillat et al. (2009).

Lorsqu'on observe en détail la structure anatomique d'une racine de riz (Figure 4) on observe les couches successives suivantes de l'extérieur vers l'intérieur :

- l'épiderme
- l'exoderme qui forme une barrière à l'eau et aux ions
- le sclérenchyme très lignifié qui joue un rôle de maintien de la structure de la racine
- le cortex dont certaines cellules peuvent se transformer en aérénchymes suite à un phénomène de mort cellulaire. Les aérénchymes servent à transporter les gaz entre la partie aérienne et la partie souterraine de la plante souvent en situation anaérobie chez le riz
- l'endoderme a la fonction semblable à celle de l'exoderme puis le péricyle qui entourent la stèle. La stèle comporte les vaisseaux du phloème et du métaxylème.

Les différents types de racines ont une organisation anatomique légèrement différente. Par exemple, les petites racines latérales n'ont pas d'aérénchymes.

### **1.6. Caractères racinaires à améliorer**

Des racines profondes, épaisses, et nombreuses sont des caractères favorables permettant au riz de résister au stress hydrique (Yambao et al. 1992; Fukai et Cooper, 1995; Gowda et al. 2011). Il existe chez le riz une grande diversité génétique pour ces paramètres: les riz de type indica ont en général des racines nombreuses, fines et peu profondes (exemple: IR64) tandis que les riz pluviaux japonica ont des racines peu nombreuses, épaisses et profondes (exemple: Azucena). Mais il existe aussi une variabilité importante intra-groupe (Courtois et al. 1996; Lafitte et al. 2001).

### **1.7. Amélioration génétique du riz**

Afin de pouvoir créer de nouvelles variétés qui portent les caractères agronomiques intéressants, le croisement et la sélection sont nécessaires. Il faut croiser deux variétés qui portent des caractères complémentaires afin de pouvoir sélectionner dans leur descendance des recombinants qui portent les caractères favorables des deux parents. Par exemple, si l'on veut créer une nouvelle variété qui possède à la fois des racines profondes et épaisses, il est nécessaire de croiser une variété qui a des racines profondes et fines avec une autre variété qui a des racines superficielles et épaisses. Dans la génération F2 et les générations suivantes, on ne va sélectionner que les plantes qui ont des racines profondes et épaisses jusqu'à fixation de la lignée en F6.

## **1.8. Déterminisme génétique des caractères racinaires**

Les méthodes qui permettent la compréhension du déterminisme génétique reposent sur une association statistique établie entre le génotype des individus d'une population et leur phénotype.

### **- La détection de QTLs (Quantitative Trait Loci)**

La détection de QTL se fait dans des populations de cartographie (lignées recombinantes par exemple) qui dérivent généralement du croisement de deux parents. En ce qui concerne la morphologie racinaire, au moins 24 publications ont été recensées pendant ces dix dernières années (Courtois et al. 2009).

La détection de QTLs a permis de faire beaucoup de progrès dans la compréhension de l'organisation génétique des caractères mais elle présente certains inconvénients. Le problème principal est la faible précision dans la position des QTLs due au fait que le déséquilibre de liaison est important dans ce type de population. Il existe d'autres inconvénients: il est nécessaire de disposer d'une population de cartographie; les QTL détectés peuvent être spécifiques de l'environnement et aussi du fond génétique étudié (Shen et al. 2001). Il est donc nécessaire de répéter les mesures dans plusieurs environnements et dans d'autres matériels génétiques.

### **- Etude d'association : intérêt par rapport à la détection de QTLs**

Les études d'association permettent de remédier à certains de ces inconvénients. Les nombreuses générations de recombinaisons qui se sont produites depuis la domestication ont sensiblement diminué le déséquilibre de liaison dans les panels de variétés. La précision dans la position des QTLs avec ce genre de population est donc bien meilleure.

Cependant, pour tirer bénéfice de cet avantage, il est indispensable d'avoir une densité de marqueurs très importante. Cette densité ne peut être atteinte qu'avec des marqueurs de type SNP (Single Nucleotide Polymorphism) chez de nombreuses espèces. Chez le riz, on rencontre en moyenne un SNP tous les 100 pb (Courtois, 2007). Aucun résultat basé sur cette approche n'a encore été publié pour les caractères racinaires du riz.

Plusieurs variétés de riz ont été séquencées et on dispose d'une base de données de plusieurs millions de SNP. Une puce à 1 million de SNP a été conçue par un Consortium International (<http://www.ricesnp.org/>) pour faire le génotypage à haut débit nécessaire aux études d'association.

### **1.9. Les méthodes d'évaluation du système racinaire du riz**

Le phénotypage du système racinaire de populations de grands effectifs nécessaires à la sélection est très difficile. A côté des méthodes classiques mais pénibles comme l'utilisation de tarières dans les champs, de nouvelles méthodes sont apparues. Parmi celles-ci, citons celles avec lesquelles nous avons été en contact :

- une méthode à moyen débit : le Rhizoscope est un système semi-hydroponique qui permet de phénotyper 192 plantes à la fois. Il a été développé par un physiologiste du Cirad (Audebert et al. 2010).

- une méthode à haut débit pour le futur: PhénoArch, est une plate-forme entièrement automatisée qui permet de mesurer 1600 plantes à la fois. Les paramètres sont mesurés par analyse d'image. Le coût par plante d'un essai est cependant très important.

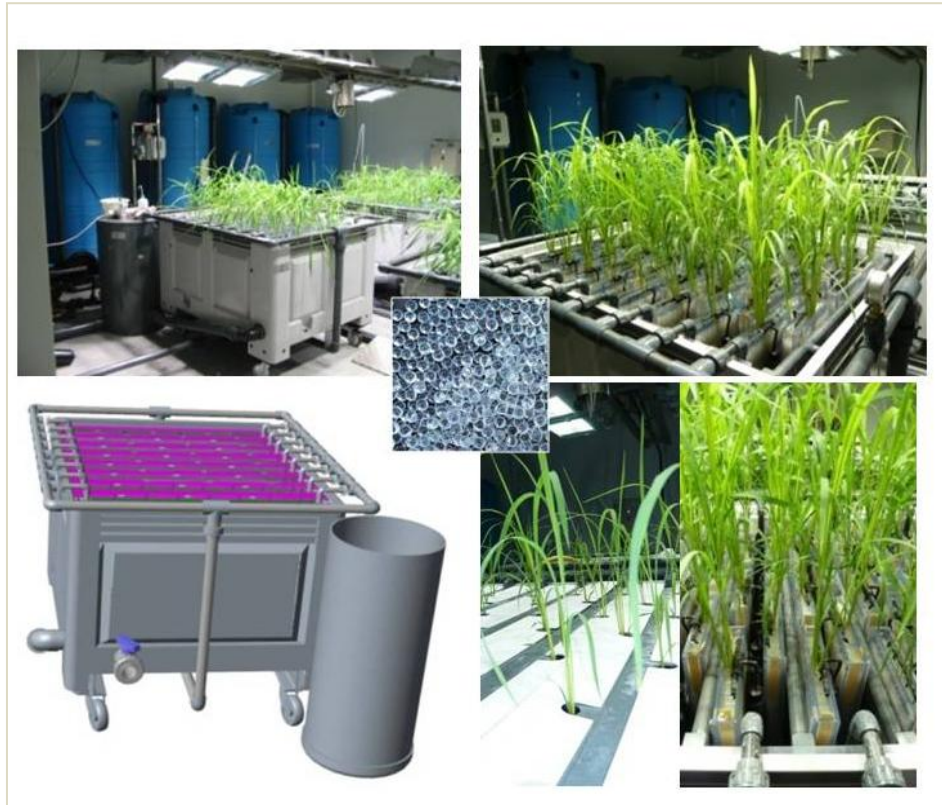
- des méthodes histologiques : les progrès très importants en matière de microscopie à épifluorescence et d'analyse d'image permettent de visualiser l'anatomie d'une racine, en exploitant l'autofluorescence de certains tissus lorsqu'ils sont excités par des rayonnements de longueur d'onde précise.

### **1.10. Objectif de l'étude**

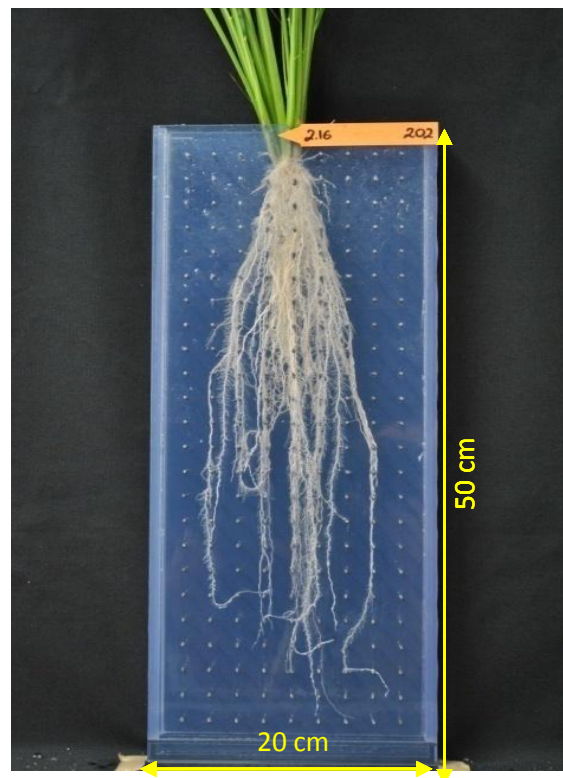
Notre travail s'inscrit dans un programme d'amélioration génétique dont l'objectif est d'améliorer l'architecture du système racinaire du riz et, par ce biais, d'améliorer sa résistance à la sécheresse. Notre contribution personnelle à ce programme a porté sur le phénotypage d'une population de type indica afin d'identifier les meilleures variétés pour le programme de sélection. Dans cette étude, nous avons d'abord étudié des paramètres morphologiques de systèmes racinaires entiers cultivés dans le Rhizoscope, puis d'autres paramètres avec des méthodes histologiques. Les analyses statistiques ont été menées également dans notre étude.

L'objectif final d'étude du déterminisme génétique de ces caractères par étude d'association liant génotype et phénotype n'a pas pu être atteint car les données de génotypage de la population nécessaires à ce travail ne sont pas disponibles.





**Figure 5 :** Eléments composant le Rhizoscope.



**Figure 6 :** Une rhizoboite contenant le système racinaire d'une plante de riz (variété UPL RI-5).

## **II. MATERIEL ET METHODES**

### **2.1. Matériel**

Nous avons utilisé 166 variétés de riz de type indica appartenant à un panel de 200 variétés défini par les sélectionneurs du Cirad et destiné à réaliser des études génétiques (étude d'association). Nous avons rajouté les deux témoins de cette étude, les variétés IR64 de type indica et Azucena de type japonica, ainsi que les deux variétés à enracinement le plus profond du panel japonica tropical (GOGO LEMPAK et KARASUKARA SURANKASU). Les variétés du panel indica proviennent de 21 pays différents et sont, pour l'essentiel, des variétés améliorées. Ces variétés avaient également été caractérisées avec 25 marqueurs microsatellites et leur appartenance à trois différentes sous-populations déterminée à l'aide du logiciel Structure avant notre étude. Ces informations figurent dans l'Annexe 1.

Pour en donner une représentation plus parlante, nous avons établi le dendrogramme représentant cette diversité à l'aide du logiciel Darwin (Annexe 2).

Les semences des 170 variétés proviennent de la collection de ressources génétiques du Cirad.

### **2.2. Méthodes**

#### **2.2.1. Phénotypage dans le Rhizoscope**

##### **a. La mise en place du système**

L'essai a été réalisé dans un phytotron afin de bien contrôler la température, l'humidité, la circulation de l'air et la lumière. Il était organisé en 4 blocs qui sont reliés à 4 grandes cuves contenant de la solution nutritive et à une autre cuve pour le mélange de solution. L'organisation du Rhizoscope est présentée dans la Figure 5. Il nous faut plusieurs étapes pour lancer un essai.

##### **- Préparation des blocs**

Chaque bloc contenait 48 « rhizoboîtes », réparties en trois sous-blocs, soit 16 rhizoboîtes pour chaque sous-bloc. Les trois sous-blocs étaient orientés perpendiculairement à un gradient de distribution de lumière. Des grilles et des intercalaires dans chaque bloc servaient à bien tenir les plaques. Le système d'apport de la solution nutritive était composé de rampes terminées par des griffes, à raison d'une griffe par rhizoboîte.

##### **- Préparation des rhizoboîtes**

Chaque rhizoboîte (50 cm x 20 cm x 2 cm) était composée de deux plaques en plexiglas transparent reliées entre elles (Figure 6). Une contre plaque permet de ne pas arracher les racines quand on enlève les plaques lors de la récolte. Chaque rhizoboîte était

remplie de 2.7 kg de billes de verre de 1.5 mm de diamètre afin de créer une résistance à la pénétration. Une trappe coulissante grillagée fermait la base de la rhizoboite et permettait d'enlever facilement les billes à la fin de l'essai.

#### ***- Préparation de la solution nutritive***

La solution nutritive était composée d'un mélange de 5 groupes de solutions mères dont le groupe 1 ( $\text{NH}_4$  et Mg), le groupe 2 (Ca + K), le groupe 3 (les oligo-éléments), le groupe 4 (FeEDTA) et le groupe 5 ( $\text{KH}_2\text{PO}_4$ ). Ces 5 groupes contiennent tous les éléments nutritifs importants pour la croissance et le développement des plantes. Les composés sont dissouts dans de l'eau osmosée par agitation et par chauffage ( $100^\circ\text{C}$ ) dans le cas du FeEDTA. Les composants de ces 5 solutions ainsi que le poids moléculaire de chaque composant sont détaillés dans l'Annexe 3.

Le volume total de solution nutritive nécessaire pour un essai d'un mois dans le Rhizoscope est de 3750 l. Les volumes de solutions-mères correspondant sont donnés dans l'annexe 3. Nous avons complété le volume avec de l'eau osmosée. Il est important de respecter l'ordre du groupe d'éléments lors du mélange des solutions afin d'empêcher toute réaction chimique.

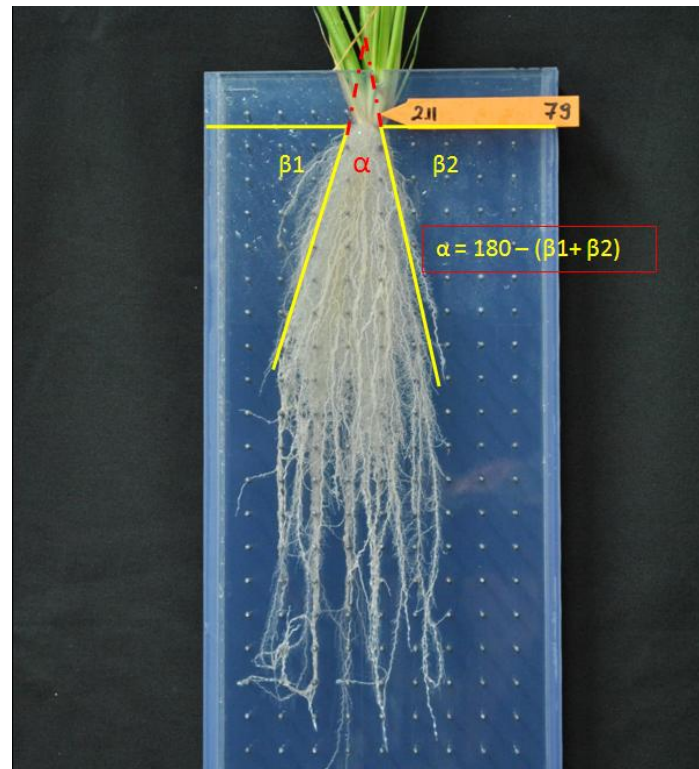
Le pH de la solution nutritive était de 5.5. Il a été vérifié journallement et corrigé si nécessaire.

#### ***- Pré-germination et repiquage des semences***

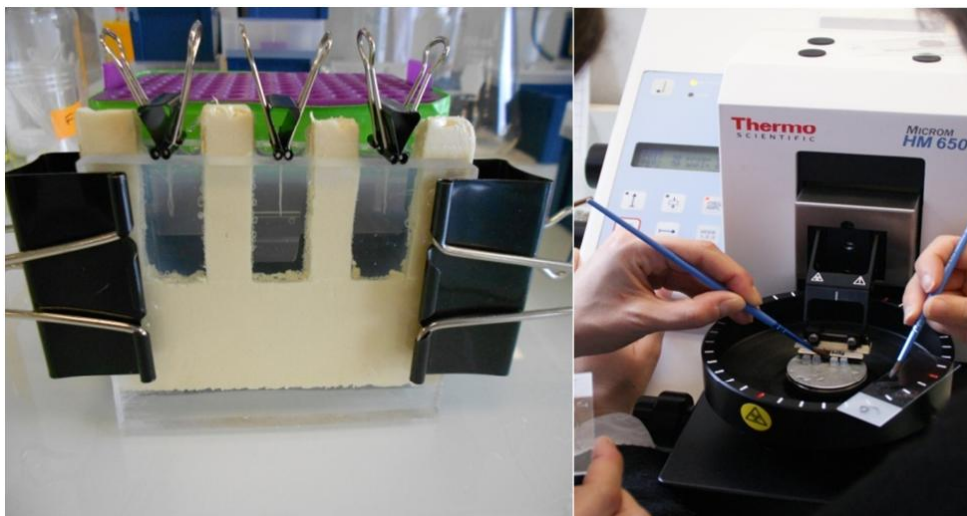
Cette étape nous permet de nous assurer que la seule graine que l'on va repiquer est de bonne qualité. Dans une boîte carrée de 10,5 cm x 10,5 cm, divisée en 4 et étiquetée, nous avons mis 5 grains de riz de chaque variété et 4 grains pour les deux témoins (IR64 et Azucena) par compartiment sur un papier filtre humidifié avec de l'eau. Les boîtes fermées sont conservées dans un incubateur à une température de  $28^\circ\text{C}$  pendant deux jours. Le troisième jour, un unique grain germé par variété est repiqué au milieu de chaque rhizoboite. Après repiquage, les blocs ont été couverts par des plaques pour empêcher le développement des algues, en laissant un petit trou en dessus des plantes pour qu'elles puissent pousser.

#### ***- Le dispositif expérimental***

Le dispositif comporte deux répétitions décalées dans le temps. Chaque répétition a été divisée en 4 blocs, eux-mêmes divisée en 3 sous-blocs ce qui correspond à un dispositif de type alpha-plan. Dans chaque répétition, chaque variété est représentée dans chaque bloc sauf les deux témoins qui sont présents dans chaque sous-bloc. La position de chaque variété dans le dispositif a été déterminée aléatoirement à l'aide du logiciel SAS.



**Figure 7 :** L'angle du cône racinaire ( $\alpha$ ) mesuré par le logiciel Image J.



**Figure 8 :** Préparation des blocs d'agarose dans lesquels les racines sont incluses; coupe des blocs d'agarose avec le vibratome.

## **b. La récolte et les mesures**

Nos plantes ont été récoltées 30 jours après le repiquage (date déterminée sur la base d'une somme de températures). Nous avons vidé les billes. Nous avons pris les photos entières des plantes, système racinaire et système aérien. Ces photos ont été utilisées par la suite pour mesurer l'angle du cône racinaire (CONE) à l'aide du logiciel Image J (Figure 7) afin de tester s'il existait une corrélation entre cet angle et la profondeur du système racinaire chez le riz. La longueur maximale des racines (LENGTH), la longueur maximale des feuilles (HGT), le nombre de feuilles (NBL) et le nombre de talles (TIL) ont ensuite été notés. Le nombre de racines à 30 cm de profondeur a été compté (NR\_30). Les racines ont été parfaitement lavées des billes puis réparties en 3 groupes de longueur: 0-20 cm (RB0020), 20-30 cm (RB2030) et plus de 30 cm (RB3050) pour les mesures de biomasse racinaire. Nous avons récupéré également la partie aérienne (SB). Ces échantillons ont été séchés dans une étuve à 70°C pendant 3 jours avant d'être pesés.

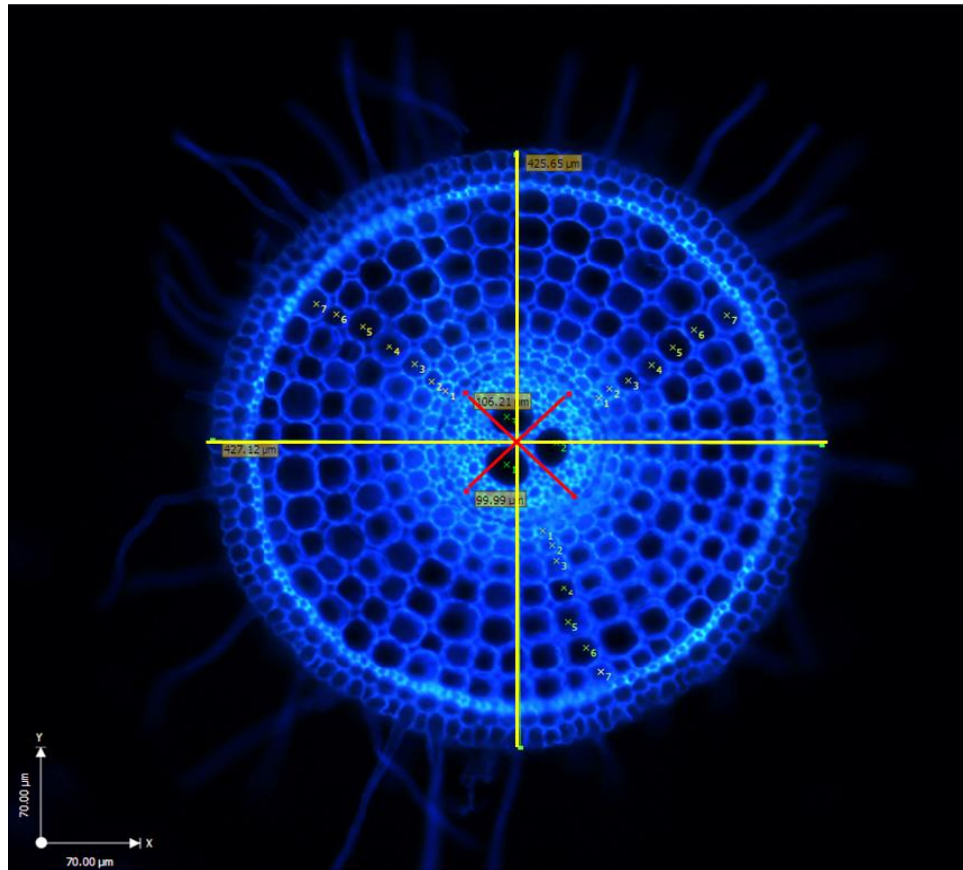
## **c. Prélèvement et fixation de pointes racinaires**

Lors des mesures de longueur de racines, nous avons prélevé, pour chaque plante, la partie terminale de 4 racines nodales (segment de 4 cm de longueur incluant l'apex). Nous les avons fixées en suivant le protocole de fixation proposé par J. L. Verdeil. Les racines de chaque variété ont été mises dans un tube d'un ml avec une étiquette. Ensuite, 70 µl de PBS (tampon phosphate) ont été ajoutés. Le lendemain, nous avons remplacé le PBS par 70 µl de PFA (paraformaldéhyde). Pour que cette solution rentre bien dans les tissus racinaires, nous les avons soumis à des alternances de vide et de rupture de vide (15 mn de marche, 15 mn d'arrêt) pendant 4 heures puis stockés dans la chambre froide à 4°C. Le 3ème jour, nous avons de nouveau changé le PFA et répété cette opération. Le cinquième jour, nous avons vidé les tubes et lavé les racines avec de l'alcool à 50% que nous avons ensuite remplacé par de l'alcool à 70% pour une conservation à durée illimitée à 4°C.

### **2.2.2. Histologie**

Les racines des plantes ont été incluses dans un bloc d'agarose à 2.5% de type Euromedex Ref. LE – 8200 – B, puis découpées à l'aide du Vibratome Microm HM650V (Figure 8). Cet appareil permet de réaliser des coupes très fines à l'aide d'une lame de rasoir vibrant à une fréquence de 30 à 100 Hz et à partir de l'épaisseur d'un micromètre (µm). Les paramètres de coupe que nous avons choisis ont été : une épaisseur de 50 µm, une fréquence de vibration de 50 Hz, une amplitude de 0.9, et une vitesse V de 30. Les coupes de racines ont toutes été réalisées au même niveau sur la racine, entre 0.5 et 1.0 cm de l'apex. Les lames ont ensuite été





**Figure 9 :** Paramètres mesurés par le logiciel Volocity.

Le diamètre de la racine et le diamètre de la stèle ont été mesurés selon deux axes perpendiculaires. Le nombre de cellules de la couche de cortex a été compté en 3 endroits. Le nombre de vaisseaux du xylème a également été compté.

observées au microscope à épifluorescence Leica DM 6000 et les meilleures coupes de trois racines prises en photo. Le logiciel Volocity a été utilisé pour mesurer le diamètre général de la racine (deux mesures perpendiculaires) (DIAMETRE), le diamètre de la stèle (deux mesures) (STELE), le nombre de couches de cortex en trois endroits (CORTEX) et le nombre de vaisseaux du métaxylème (METAXY), comme indiqué sur la Figure 9. Enfin, nous avons calculé la valeur moyenne de chaque paramètre. Compte tenu du temps nécessaire pour les observations, une seule des deux répétitions a pu être traitée soit 192 plantes.

### **2.2.3. Analyses statistiques**

Nous avons analysé les données récoltées en faisant une analyse de variance. Le modèle retenu est un modèle mixte avec les effets variété, répétition, bloc dans répétition et sous bloc dans bloc x répétitions considérés comme fixes et les effets d'interactions entre ces facteurs considérés comme aléatoires en utilisant un programme SAS écrit par E. Gozé du Cirad. Le programme nous a donné les moyennes ajustées pour chaque variété et chaque caractère. L'héritabilité au sens large de chaque caractère qui donne une idée de la répétabilité des mesures a été calculée comme  $(F-1)/F$  en utilisant la valeur du F dérivée de cette analyse (Gallais, 1990). Nous avons ensuite calculé les paramètres de la distribution par caractère (moyenne, minimum, maximum, écart-type, et normalité) en utilisant XLSTAT.

Pour les données histologiques, comme une seule répétition était disponible, le modèle d'analyse de variance a comporté un effet variété, bloc, et sous bloc dans bloc. Des moyennes ajustées utilisant les valeurs des témoins Azucena et IR64 ont ensuite été calculées.

Pour analyser les relations entre caractères, nous avons ensuite conduit un test de corrélation (test de Pearson) au seuil de 5% puis une analyse en composantes principales (ACP) en utilisant toujours XLSTAT. L'ACP nous a permis d'identifier les meilleurs individus pour les trois paramètres qui nous intéressent le plus (profondeur, nombre et diamètre des racines)

Pour mieux comprendre l'organisation de la variabilité, nous avons également observé l'influence des données passeport (région d'origine; type variétal; groupe génétique d'appartenance) sur les résultats en faisant une simple analyse de variance puis des comparaisons de moyennes.

**Tableau 1a:** Résultats de l'analyse de variance pour les caractères mesurés dans le Rhizoscope.

Les valeurs soulignées sont les valeurs significatives au seuil de 1%.

Variables	ddl (res)	Variété	Rep	Bloc (Rep)	Sb (Bloc*Rep)	F	h <sup>2</sup>
HGT	187	<u>&lt;.0001</u>	<u>&lt;.0001</u>	<u>&lt;.0001</u>	0.1756	7.14	0.86
NBL	183	<u>&lt;.0001</u>	<u>&lt;.0001</u>	<u>0.0004</u>	0.2795	4.36	0.77
TIL	187	<u>&lt;.0001</u>	0.2542	<u>&lt;.0001</u>	0.0205	5.61	0.82
SB	187	<u>&lt;.0001</u>	<u>&lt;.0001</u>	<u>0.0007</u>	0.1192	3.58	0.72
LENGTH	186	<u>&lt;.0001</u>	<u>&lt;.0001</u>	<u>&lt;.0001</u>	<u>0.0007</u>	8.34	0.88
NR-30	186	<u>&lt;.0001</u>	<u>&lt;.0001</u>	<u>&lt;.0001</u>	0.0194	4.63	0.78
RB0020	186	<u>&lt;.0001</u>	<u>&lt;.0001</u>	<u>&lt;.0001</u>	0.0152	2.97	0.66
RB2030	186	<u>&lt;.0001</u>	<u>&lt;.0001</u>	<u>0.0011</u>	0.5083	3.01	0.67
RB3050	186	<u>&lt;.0001</u>	<u>&lt;.0001</u>	0.0502	0.7000	2.51	0.60
CONE	187	<u>&lt;.0001</u>	<u>0.0017</u>	<u>0.0041</u>	0.3727	4.95	0.80
TRB	186	<u>&lt;.0001</u>	<u>&lt;.0001</u>	<u>0.0001</u>	0.0405	3.06	0.67
TB	186	<u>0.0001</u>	<u>&lt;.0001</u>	<u>0.0003</u>	0.1057	3.52	0.72
R_S	186	<u>&lt;.0001</u>	<u>&lt;.0001</u>	0.0207	0.4275	3.62	0.72

HGT = Hauteur de la plante, NBL= Nombre de feuilles, TIL = Nombre de talles, SB = Matière sèche aérienne, LENGTH = Longueur maximale des racines, NR-30 = Nombre de racines en dessous de 30 cm de profondeur, RB0020 = Masse de racines entre le plateau de tallage et 20 cm de profondeur, RB2030 = Masse de racines entre 20 cm et 30 cm de profondeur, RB30+ = Masse de racines en dessous de 30 cm de profondeur, CONE = Angle du cône racinaire, TRB = Masse totale de racines, TB = Biomasse totale (racinaire + aérienne), R\_S = Rapport entre biomasse racinaire et biomasse aérienne (root /shoot ratio)

**Tableau 1b :** Résultats de l'analyse de variance pour les caractères anatomiques.

Les valeurs soulignées sont les valeurs significatives au seuil de 1 %

Variables	ddl (res)	Variété	Bloc	Sb (Bloc*Rep)	F	h <sup>2</sup>
DIAMETRE	159	<u>&lt;.0001</u>	<u>0.0031</u>	0.1578	3.46	0.71
CORTEX	159	<u>&lt;.0001</u>	0.1649	0.0392	3.09	0.68
STELE	159	<u>&lt;.0001</u>	<u>&lt;.0001</u>	0.0722	4.48	0.78
METAXY	159	<u>&lt;.0001</u>	0.0229	<u>0.0021</u>	1.95	0.49

DIAMETRE = Diamètre général de la racine, CORTEX = Nombre de couches cellulaire du cortex, STELE = Diamètre général de la stèle, METAXY = Nombre de vaisseaux du xylème



### **iii. RESULTATS**

#### **3.1. Analyse statistique des résultats du Rhizoscope**

L'analyse de variance (Tableau 1a) permet de dissocier les effets des différents facteurs de variation contrôlés. Elle montre que l'effet variété est toujours très hautement significatif ( $<.0001$ ). L'effet répétition est également hautement significatif, sauf pour TIL, reflétant une moins bonne croissance générale des plantes dans la répétition 2. L'effet bloc dans une répétition est aussi quasiment toujours significatif reflétant des variations de température ou d'humidité dans le phytotron. Les enregistrements de température réalisés tout au long de l'essai ont permis d'établir la cartographie de ces variations (Tableau 1b). L'effet sous-bloc dans une combinaison bloc\*répétition n'est hautement significatif que pour LENGTH montrant que le supposé gradient de lumière n'a que peu d'influence sur les résultats. Les moyennes par variété ont été ajustées par le logiciel pour compenser ces variations.

Les héritabilités au sens large ( $h^2$ ) varient de 0.60 pour RB3050 à 0.88 pour LENGTH, ce qui constitue des valeurs plutôt élevées pour des paramètres racinaires.

Le tableau 2 présente les paramètres statistiques du panel obtenus à partir des moyennes ajustées ainsi que les moyennes ajustées des deux témoins. Le panel indica présente une gamme de variation très large pour tous les caractères sauf NBL. Cette gamme de variation dépasse largement celle des deux témoins qui présentent pourtant des différences d'architecture assez nettes sauf pour CONE (Annexe 5). Les distributions (Annexe 6) montrent une forme de courbe en cloche mais sont rarement normales au seuil de 5%.

#### **3.2. Analyse statistique des résultats d'histologie**

La qualité des images histologiques était généralement très bonne. Des problèmes lors de la réalisation des coupes ont été rencontrés sur 10 plantes (DA5, GOCHI BORO, NGAJA, O LUEN CHEUNG, POKKALI\_2, SATHI34-36, SHAI KUH, TEQUING, UPL RI-5 et WAS194-B-3-2-5) parmi les 192 mesurées. Cela est dû à la mauvaise qualité de leurs racines qui étaient très petites ou à des problèmes lors du traitement des racines. Les racines tordues du fait des billes ont aussi rendu parfois les coupes difficiles.

Les résultats de l'analyse de variance pour les caractères anatomiques (Tableau 1b) montrent que l'effet variété est très hautement significatif ( $<.0001$ ). L'effet bloc est significatif pour tous les caractères sauf pour CORTEX. L'effet sous-bloc en revanche n'est hautement significatif que dans le cas de METAXY. Les héritabilités au sens large sont plutôt élevées variant de 0.68 à 0.78 sauf pour METAXY où elle n'est que de 0.49 (Tableau 1b).

**Tableau 2 :** Paramètres statistiques du panel d'association par caractère.

Variables	Moyenne IR64	Moyenne Azucena	Minimum panel	Maximum panel	Moyenne panel	Ecart-type panel	CV panel	Normalité
HGT (cm)	62.82	73.35	36.80	109.12	75.87	11.61	15.3	oui
NBL (cm)	8.24	6.48	5.50	9.11	7.67	0.64	8.3	non
TIL	12.75	6.48	0.96	20.95	8.13	3.91	48.1	non
SBM (g)	2.20	0.83	0.07	5.13	1.79	0.90	50.3	non
LENGTH (cm)	36.83	47.90	21.51	59.32	38.40	7.89	20.5	non
NR_30	7.83	12.38	0.00	35.64	10.47	7.69	73.4	non
RB0020 (g)	0.2332	0.0890	0.0086	0.4916	0.1845	0.0833	45.1	non
RB2030 (g)	0.0195	0.0214	0.0000	0.1070	0.0220	0.0188	85.4	non
RB3050 (g)	0.0023	0.0125	0.0000	0.0664	0.0073	0.0116	157.5	non
CONE (°)	59.32	59.46	15.60	81.05	39.94	13.13	32.8	non
TRB (g)	0.2564	0.1229	0.0048	0.5793	0.2139	0.1030	48.2	non
TB (g)	2.46	0.96	0.08	5.57	2.00	1.00	50.0	non
R_S	0.12	0.15	0.08	0.22	0.12	0.02	16.6	non
METAXY	2.70	3.20	0.31	4.47	2.35	0.96	40.8	oui
DIAMETRE (µm)	426.3	442.5	216.0	600.8	385.7	71.7	18.5	oui
STELE (µm)	105.2	129.8	51.8	160.9	97.2	19.8	20.4	oui
CORTEX	7.70	7.20	3.64	9.80	6.59	0.98	14.9	oui

**Tableau 3 :** Influence du type variétal (traditionnel versus amélioré), de la région d'origine et du groupe génétique d'appartenance sur les caractères mesurés. Les valeurs soulignées sont les valeurs significatives au seuil de 1%.

Variables	Type	Région	Groupe génétique
HGT	<u>&lt;.0001</u>	<u>0.0013</u>	<u>&lt;.0001</u>
NBL	0.4236	<u>&lt;.0001</u>	<u>&lt;.0001</u>
TIL	0.1283	<u>0.0003</u>	<u>0.0002</u>
SBM	0.5432	0.0337	<u>0.0060</u>
LENGTH	<u>0.0027</u>	<u>0.0041</u>	<u>&lt;.0001</u>
NR_30	0.0163	<u>0.0027</u>	<u>0.0004</u>
RB0020	0.9929	0.0114	<u>0.0032</u>
RB2030	0.0496	0.1298	0.0279
RB3050	0.0168	0.0309	<u>0.0064</u>
CONE	0.1781	<u>0.0099</u>	0.0586
TRB	0.5293	0.0154	<u>0.0086</u>
TB	0.5400	0.0296	<u>0.0057</u>
R_S	0.8136	0.8865	0.8257
METAXY	<u>0.0092</u>	0.0449	0.1724
DIAMETRE	0.4855	0.1973	0.1411
STELE	0.2100	0.0807	0.2980
CORTEX	0.5596	0.1952	0.0196

Les moyennes ajustées des valeurs des témoins ont été calculées pour les autres variétés. Selon les variétés, on observe que METAXY varie entre 0.31 et 4.47, DIAMETRE varie entre 216  $\mu\text{m}$  et 601  $\mu\text{m}$ , STELE varie entre 51.8  $\mu\text{m}$  et 160.9  $\mu\text{m}$  et CORTEX varie entre 3.6 et 9.8, ce qui représente une large gamme de variation (Annexe 7). La valeur moyenne de chaque paramètre est toujours plus élevée pour Azucena que pour IR64, sauf pour CORTEX (Tableau 2). Les distributions (Annexe 6) montrent une forme de courbe en cloche mais sont rarement normales au seuil de 5%.

### **3.3. Influence des données passeport**

Nous avons utilisé les données passeport disponibles (région d'origine; type; groupe génétique d'appartenance) pour voir si un ou plusieurs de ces facteurs expliquaient l'organisation de la variabilité des caractères. Le Tableau 3 montre que le groupe génétique d'appartenance et la région d'origine influencent la plupart des caractères mesurés dans le Rhizoscope, notamment la profondeur racinaire mais très peu les caractères anatomiques qui concernent surtout l'épaisseur des racines. En ce qui concerne le groupe d'appartenance, les variétés de la sous-population 3 (majoritairement des indicas traditionnels d'Asie) ont un développement racinaire en profondeur supérieur à ceux des sous-populations 1 (majoritairement des variétés traditionnelles de Madagascar) et 2 (majoritairement des indicas améliorés d'Afrique et d'Asie). Pour ce qui est de la région d'origine, deux groupes ont tendance à se distinguer : un groupe comprenant les variétés d'Asie du Sud-Est, d'Asie de l'Est, de Madagascar et d'Asie du Sud, à racines plutôt profondes, et un groupe comprenant les variétés d'Afrique de l'Ouest, d'Amérique Latine et d'Asie équatoriale, à racines plutôt superficielles. Le type variétal (traditionnel versus amélioré) influence la hauteur de la plante et les caractères de profondeur racinaire (LENGTH, NR\_30, RB2030, RB3050) quoique modérément. Les variétés améliorées se comportent dans l'ensemble moins bien que les variétés traditionnelles ce qui indique qu'on a perdu sur ces caractères non visibles lors de la sélection.

### **3.4. Corrélations entre caractères**

De nombreuses corrélations entre paramètres mesurés dans le Rhizoscope sont très élevées, supérieures à 0.8 (Tableau 4). Certaines de ces corrélations sont élevées par construction : par exemple, TB qui est la somme de TRB et SB est très fortement corrélé à ces deux caractères. D'autres mesures sont les caractères très similaires : par exemple, NR\_30 et RB2030. Une des éléments inattendus de ce tableau concerne l'absence de lien fort entre l'angle du cône racinaire (CONE) et la longueur maximale des racines (LENGTH).

**Tableau 4 :** Matrice de corrélation (Test de Pearson).  
Les valeurs en gris sont les valeurs non significatives.

Variables	HGT	NBL	TIL	LENGTH	NR_30	SBM	RB0020	RB2030	RB3050	TRB	TB	R_S	CONE	DIAM	CORTEX	STELE	METAXY
HGT	1																
NBL	0.340	1															
TIL	0.310	0.667	1														
LENGTH	0.508	0.161	0.221	1													
NR_30	0.526	0.274	0.341	0.870	1												
SBM	0.606	0.621	0.827	0.431	0.588	1											
RB0020	0.578	0.608	0.762	0.446	0.604	0.930	1										
RB2030	0.496	0.277	0.377	0.746	0.827	0.636	0.615	1									
RB3050	0.419	0.165	0.231	0.774	0.793	0.477	0.466	0.855	1								
TRB	0.605	0.560	0.710	0.583	0.727	0.921	0.973	0.775	0.645	1							
TB	0.611	0.619	0.821	0.450	0.607	0.999	0.941	0.655	0.498	0.936	1						
R_S	-0.053	-0.221	-0.322	0.403	0.311	-0.219	0.028	0.311	0.328	0.117	-0.186	1					
CONE	-0.151	-0.106	-0.038	-0.170	-0.095	-0.077	0.035	-0.119	-0.148	-0.010	-0.070	0.132	1				
DIAM	0.248	0.137	0.037	0.270	0.264	0.153	0.222	0.252	0.365	0.266	0.166	0.186	0.069	1			
CORTEX	0.173	0.163	0.058	0.140	0.144	0.115	0.181	0.161	0.206	0.198	0.124	0.102	0.063	0.855	1		
STELE	0.209	0.014	-0.104	0.255	0.220	0.042	0.114	0.193	0.338	0.165	0.055	0.253	0.065	0.909	0.761	1	
METAXY	0.236	-0.052	-0.095	0.179	0.173	0.015	0.064	0.125	0.173	0.094	0.023	0.157	0.011	0.647	0.618	0.648	1

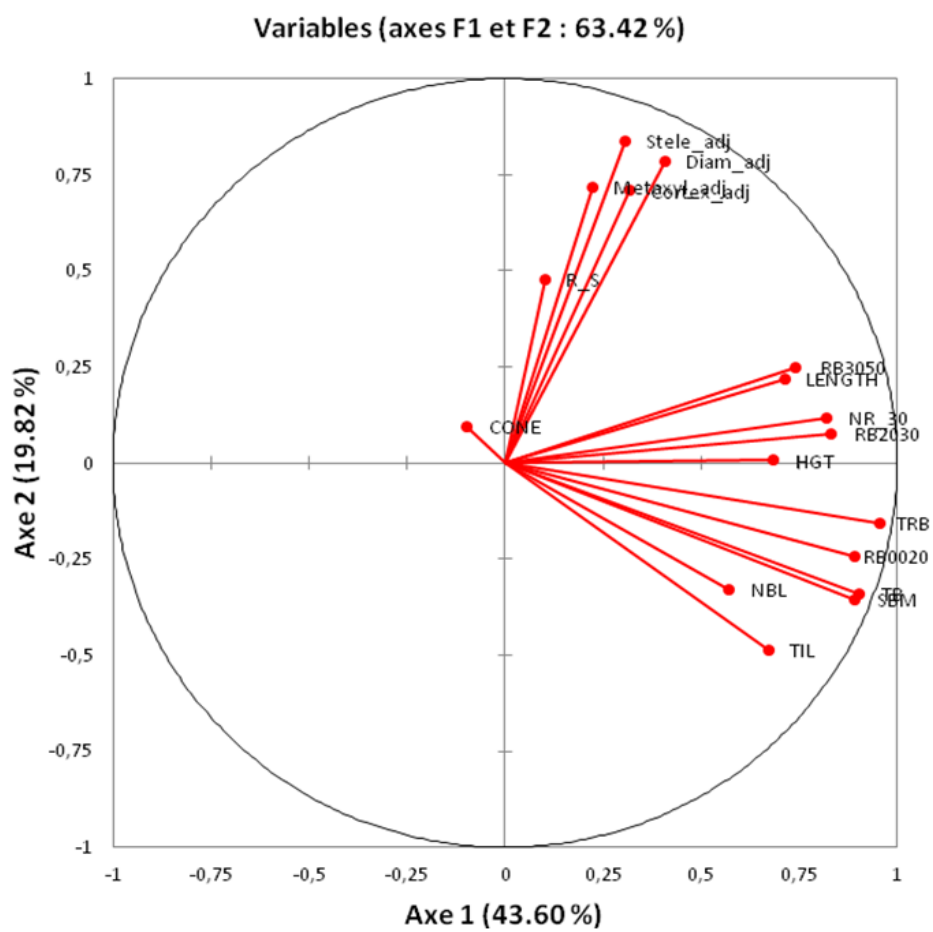
La corrélation est négative indiquant que plus les racines sont profondes, plus l'angle du cône est fermé mais elle est très faible (-0.17) bien que significative.

Le diamètre général de la racine, le diamètre de la stèle et le nombre de cellules du cortex sont très fortement corrélés ( $r > 0.8$ ). Par contre, la corrélation entre le nombre de vaisseaux du métaxylème et les trois paramètres précédents est faible bien que significative (Tableau 4).

Il n'y a pas non plus de corrélation forte entre diamètres et longueurs.

### **3.5. Analyse en composantes principales (ACP)**

L'analyse en composantes principales nous permet de visualiser les relations entre tous les paramètres mesurés et entre les variétés. Les deux premiers axes de l'ACP expliquent 63.4% de la variation. Le cercle des corrélations (Figure 10) confirme l'absence de lien entre profondeur racinaire et diamètres (vecteurs quasi perpendiculaires). La représentation des individus (Figure 11) nous montre que les accessions les plus intéressantes se trouvent dans le quadrant supérieur droit (SOMCAU 70A, CARREON, CHAU, SHORT GRAIN, SALUMPIKIT et GOGO LEMPAK, le meilleur japonica tropical, etc.). Nous avons utilisé les données passeport pour colorer les variétés. La Figure 11 montre en vert les variétés traditionnelles et en rouge les variétés améliorées. Nous avons retenu cette représentation car c'est la plus parlante des trois. En effet, il n'y pratiquement aucune variété améliorée dans le quadrant en haut à droite alors que les variétés traditionnelles sont dispersées dans tous les quadrants.



**Figure 10 :** Cercles des corrélations de l'Analyse en Composantes Principales.

#### **IV. DISCUSSION**

Nous avons caractérisé un panel de 170 variétés indicas pour ses paramètres racinaires. Aucune étude n'avait jusqu'à présent caractérisé autant de variétés de groupe.

Nous avons analysé les sources de variation dans le dispositif. Les forts effets répétitions et blocs montrent que des améliorations peuvent être apportées au système de régulation de la température et de l'humidité du phytotron. Le brouillard humidifiant pourrait être mieux réparti en augmentant le nombre de buses. La température pourrait être rendue plus homogène en introduisant un brassage de l'air.

Ces variétés présentent une large variabilité pour tous les caractères mesurés ce qui est un paramètre favorable pour conduire une étude d'association sur ce panel. Toutefois, nous avons trouvé une variabilité plus importante pour les caractères de profondeur que pour les caractères d'épaisseur de la racine (sauf METAXY) comme déjà trouvé par d'autres auteurs (Yambao et al. 1992). Ces mêmes auteurs ont trouvé une très forte corrélation entre profondeur et épaisseur de la racine alors que notre étude montre une corrélation très faible bien que significative. Cette différence provient du fait qu'ils ont travaillé avec un mélange de variétés indica et japonica qui ont des systèmes racinaires fortement contrastés alors que notre étude se concentre sur les indicas.

Différents articles ont indiqué qu'on pouvait prédire la profondeur racinaire à partir de l'angle du cône racinaire (CONE) plus facile à mesurer. En théorie, plus l'angle est étroit, plus les racines sont profondes. Oyanagi et al. (1993) ont trouvé une corrélation positive entre l'angle du cône racinaire de plantules de blé avec l'horizontale et la distribution verticale des racines. Kato et al. (2006) ont trouvé aussi un lien entre la profondeur des racines et l'angle du cône dans leur expérimentation de riz pluvial de type japonica. Le résultat de notre étude montre une corrélation négative avec la profondeur mais de faible intensité. Cette différence peut provenir, dans notre cas, du système de phénotypage : à la fois du mode de culture hydroponique des plantes qui n'ont que peu d'incitation à descendre en profondeur ou du fait que nous regardons le système racinaire en deux dimensions et pas en volume. Les conditions dans le Rhizoscope sont artificielles et induisent donc forcément des différences avec ce qui se passe dans un sol. D'un autre côté, les conditions permettent de contrôler les facteurs environnementaux et permettent un accès facile aux racines. Un compromis doit donc être trouvé quand on veut manipuler un grand nombre de variétés.

Les différences observées peuvent aussi venir du matériel végétal et de son degré de développement : Oyanagi et al. (1993) se sont intéressés aux racines séminales chez des



**Figure 11 :** Résultats de l'analyse en composantes principales. Les variétés en vert sont des variétés traditionnelles tandis que celles en rouge sont des variétés améliorées. Les variétés encadrées (en haut à droite) sont les meilleures variétés qui sont plutôt les variétés traditionnelles.



plantules très jeunes tandis que nous avons regardé les racines nodales plus âgées. Kato et al. (2006) ont regardé des variétés japonica alors que nous avons testé des variétés indica. Nous n'avons pas non plus utilisé la même méthode de mesure : nous avons mesuré l'angle de l'enveloppe externe tandis que les autres équipes ont fait une moyenne de tous les angles.

Une seule autre étude d'une ampleur similaire a été conduite chez le riz sur un panel de variétés japonica dans les mêmes conditions en Rhizoscope (Oura, 2011). Lorsque l'on compare nos résultats avec les siens, nous observons pour la profondeur maximum des racines (LENGTH) et le poids de racines dans l'horizon le plus profond (RB3050) que les valeurs minimum, maximum ainsi que la moyenne des japonicas sont supérieures aux valeurs des indicas que nous avons étudiés. Cela confirme que les japonicas ont en général un système racinaire plus profond que les indicas comme trouvé par d'autres auteurs (Lafitte et al. 2001). Au contraire, le nombre de racines (NR\_30), la masse de racines (TRB) et la biomasse totale (TB) chez les indicas sont généralement supérieurs à ceux des japonicas. Il en va de même pour le nombre de talle (TIL). Chez le riz, l'émergence et l'élongation des racines nodales est en effet étroitement lié avec le développement des feuilles, tiges et nœuds, selon la théorie du phyllochrone (Nemoto et al. 1995). Ces conclusions sont surtout basées sur des moyennes. Si nous regardons les extrêmes, nous avons identifié des variétés indicas comme SOMCAU 70A, CARREON, ou SALUMPIKIT qui se comportent quasiment aussi bien que la meilleure variété japonica tropicale dans nos conditions (Figure 11).

Nous avons perfectionné une méthodologie pour faire du phénotypage anatomique qui permet de voir des paramètres internes importants sans être obligé d'inclure les tissus dans la paraffine ou de les colorer. Nous avons appliqué cette méthode à grande échelle (192 plantes) ce qui permettra d'analyser le déterminisme génétique des cinq caractères mesurés mais nous avons aussi réalisé qu'il serait très difficile d'augmenter ce débit. Il est en effet indispensable de faire plusieurs coupes par racines et de couper plusieurs racines pour avoir une bonne idée de l'anatomie d'une variété. Pour avoir une idée plus précise des flux d'eau potentiels dans la plante, nous aurions voulu mesurer aussi le diamètre des vaisseaux du xylème et pas seulement leur nombre mais cela n'a pas été possible dans cette étude. Cela aurait pris beaucoup de temps et les images n'étaient pas toujours d'une qualité permettant une mesure précise. De toute manière, Yambao et al. (1992) indiquent qu'il y a une corrélation forte entre diamètre des vaisseaux du xylème et diamètre de la racine. Cela sera cependant fait dans une étape ultérieure.

Yoshida et al. (1982) ont trouvé une fonction très importante des racines latérales et des poils racinaires pour l'absorption d'éléments nutritifs et de l'eau. Nous n'avons pas

mesuré directement le nombre ou la longueur des racines latérales. Leur masse était incluse dans les masses de racines mesurées. Il a été montré que masse racinaire et densité de longueur de racines dans un même horizon avaient des corrélations supérieures à 0.97 (Yadav et al. 1997) mais la longueur racinaire n'est peut être pas un fidèle reflet de l'absorption. Le lien entre biomasse racinaire, profondeur racinaire et racines latérales n'est pas bien compris.

## **V. CONCLUSION ET PERSPECTIVES**

Ces résultats nous ont permis d'identifier quelques variétés intéressantes du point de vue du système racinaire dans un panel de variétés indicas. Les meilleures variétés trouvées sont plutôt de type traditionnel et appartiennent plus fréquemment à certains groupes génétiques particuliers ce qui est une indication pour chercher d'autres bonnes variétés. Toutefois, ces résultats ont été obtenus dans le Rhizoscope qui représente des conditions artificielles. Il serait donc nécessaire dans une prochaine étape de mesurer le système racinaire de quelques variétés représentatives du panel en plein champ et, cela dans différentes conditions environnementales, afin de mieux comprendre la complexité des interactions génotype x environnement.

Si la relation entre Rhizoscope et champ est de bonne qualité, nous auront ensuite la possibilité de sélectionner pour ces caractères sur la base du phénotype dans le Rhizoscope. Cela représente une avancée utile pour les programmes de sélection. Mais même dans le Rhizoscope, le phénotypage reste une opération relativement lourde.

Des données génotypiques sur le panel sont en cours de production mais n'ont malheureusement pas été rendues disponibles durant la durée de notre stage. Quand les données génotypiques seront disponibles, une étude d'association reliant génotypes et phénotypes sera menée. Cette étude permettra d'identifier dans le meilleur des cas les gènes qui contrôlent ces caractères ou, sinon, des marqueurs fortement liés à ces gènes. Cela permettra de faire de la transformation génétique ou une sélection indirecte basée sur ces marqueurs qui limitera les besoins en phénotypage.

## REFERENCES

- Audebert A, Ghneim T, Roques S, Thaunay P, Fleuriot JP (2010) Development of a high-throughput system for phenotyping rice root traits. Communication au “Internal Research Conference”, 8-12 November 2010, Hanoi, Vietnam, 4 p.
- Bates BC, Kundzewicz ZW, Wu S, Palutikof JP (2008) Climate Change and Water. Technical Paper of the Intergovernmental Panel on Climate Change, IPCC Secretariat, Geneva, 210 p.
- Chandraratna MF (1964) Genetics and breeding of rice. Longmans, London UK, 389 p.
- Coudert Y, Périn C, Courtois B, Khong NG, Gantet P (2010) Genetic control of root development in rice, the model cereal. Trends Plants Sci, 15:219-226
- Courtois B, Chaitep W, Moolsri S, Prasad K, Sinha PK, Trébuil G, Yadav R (1996) Drought resistance and germplasm improvement: ongoing research of the upland rice consortium. In: Upland rice research in partnership. Piggin C, Courtois B, Schmit V (eds). IRRI Discussion Paper Series 16. Proc. Upland Rice Consortium Workshop, 4-13 January 1996, Padang, Indonesia. Manila: IRRI, p.154-175
- Courtois B (2007) Une brève histoire du riz et de son amélioration génétique. Annexe à l'HDR, Université des Sciences et Techniques du Languedoc, Montpellier II, 13 p.
- Courtois B, Ahmadi N, Khowaja F, H. Price A, Rami J F, Frouin J, Hamelin C, Ruiz M (2009) Rice root genetic architecture : Meta-analysis from a drought QTL database. Rice, 2: 115-128
- Fukai S, Cooper M (1994) Development of drought-resistant cultivars using physiological traits in rice. Field Crops Research, 40:67-86
- Gallais A (1990) Théorie de la sélection en amélioration des plantes. Masson, Paris, 588 p
- Gowda VRP, Henry A, Yamauchi A, Shashidhar HE, Serraj R (2011) Root biology and genetic improvement for drought avoidance in rice. Field Crops Res, 122:1-13.
- Kato Y, Abe J, Kamoshita A, Yamagishi J (2006) Genotypic variation in root growth angle in rice (*Oryza sativa* L.) and its association with deep root development in upland fields with different water regimes. Plant soil, 287:117-129
- Khush GS (1987) Rice Breeding: past, present and future. J. Genet, 66 (3):195-216
- Lafitte RH, Champoux MC, McLaren G, O'Toole JC (2001) Rice root morphological traits are related to isozyme groups and adaptation. Field Crops Res, 71:57-70
- Nemoto K, Morita S, Baba T (1995) Shoot and root development in rice related to the Phyllochron. Crop Sci, 35:24-29

- Oura JT (2011) Diversité du système racinaire de variétés de riz appartenant à la sous-espèce *japonica* tropical. Mémoire de Master 2, Montpellier SupAgro 25p.
- Oyanagi A, Nakamoto T, Wada M (1993) Relationship between root growth angle of seedlings and vertical distributon of roots in the field in wheat cultivars. Jpn. J. Crop Sci, 62 (4):565-570
- Pandey S, Bhandari H (2008) Drought: economic costs and research implications. In: Serraj R, Bennett J, Hardy B (Eds.), Drought Frontiers in Rice: Crop Improvement for Inscreasd Rainfed Production. World Scientific Publishing and Los Banoi (Philippines): International Rice Research Institute, Singapore
- Rebouillat J, Dievart A, Verdeil JL, Escoute J, Giese G, Breitler JC, Gantet P, Espeout S, Guiderdoni E, Périn C (2008) Molecular genetics of rice root development. Rice, 2:15-34
- Shen L, Courtois B, McNally KL, Robin S, Li Z (2001) Evaluation of near-isogenic lines of rice introgressed with QTLs for root depth through marker-aided selection. Theoretical and Applied Genetics, 103:75-83
- Trébuil G, Hossain M (2000) Les grands types de rizicultures en Asie du Sud-Est : Transformations récentes, enjeux actuels et perspectives d'évolution. Revue Tiers Monde, Presses universitaires de France, Paris, XLI/162: 277-299
- Trébuil G, Hossain M (2004) Le riz : enjeux écologiques et économiques. Belin, Paris, France, 265 p.
- Vitte C, Ishhi T, Lamy F, Brar D, Panaud O (2004) Genomic paleontology provides evidence for two distinct origins of Asian rice. Mol Gen Genomics, 272:504-511
- Yadav R, Courtois B, Huang N, McLaren G (1997) Mapping genes controlling root morphology and root distribution in a double-haploid population of rice. Theoretical and Applied Genetics, 94: 619-632
- Yambao EG, Ingram KT, Real JG (1992) Root xylem influence on the water relations and drought resistance of rice. J. Exp. Bot., 43:925-932
- Yoshida S, Bhattacharjee DP, Cabuslay GS (1982) Relationships between plants type and root growth in rice. Soil Sci. Plant Nutr, 28:473-482

**Annexe 1 :** Liste des variétés de riz de type indicas appartenant au panel d'association du Cirad avec leur numéro Orytage, leur origine géographique, leur type et leur groupe génétique d'appartenance.

ID	Nom	Orytage	Pays	Region	VG	Type	Structure
1	APO	1	PHILIPPINES	EA	Indica	Amélioré	2
2	93-11	27	CHINA	EA	Indica	Amélioré	u
3	APURA	31	SURINAM	LAM	Indica	Amélioré	u
4	ARC15872	242	INDIA	SA	Indica	Traditionnel	u
5	ASD 1	2	INDIA	SA	Indica	Traditionnel	3
6	AZUCENA	4	PHILIPPINES	EA	Japonica	Amélioré	u
7	B6144-MR-6-0-0	34	INDONESIA	EQA	Indica	Amélioré	2
8	BADKALAMKATI	35	INDIA	SA	Indica	Traditionnel	1
9	BAGUAMON 14	36	BANGLADESH	SA	Indica	Traditionnel	3
10	BALA	37	INDIA	SA	Aus-boro	Amélioré	3
11	BENGALY 389	38	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	1
12	BG90-2	41	MALI	WAF	Indica	Amélioré	2
13	BH2	42	MALI	WAF	Indica	Amélioré	3
14	BODOMANO	43	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	1
15	BOTOHAVANA 139	44	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	1
16	BOTRA MAITSO	46	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	1
17	BOTRIKELY	47	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	1
18	BOTRY 731	48	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	1
19	BOUAKE 189	49	IVORY COAST	WAF	Indica	Amélioré	2
20	BR24	51	BANGLADESH	SA	Indica	Amélioré	3
21	C4 63G	53	PHILIPPINES	EA	Indica	Amélioré	2
22	CARREON	54	PHILIPPINES	EA	Indica	Traditionnel	3
23	CERE AIR	55	INDONESIA	EQA	Indica	Traditionnel	3
24	CHAU	56	VIETNAM	SEA	Indica	Traditionnel	3
25	CHERIVIRUPPU	57	INDIA	SA	Indica	Traditionnel	1
26	CHIEM CHANH	58	VIETNAM	SEA	Indica	Traditionnel	3
27	CHITRAJ	59	BANGLADESH	SA	Indica	Traditionnel	3
28	CICA 8	60	COLOMBIA	LAM	Indica	Amélioré	2
29	DA5	62	BANGLADESH	SA	Indica	Amélioré	2
30	DA9	63	BANGLADESH	SA	Indica	Amélioré	3
31	DE ABRIL	65	BRAZIL	LAM	Indica	Amélioré	u
32	DHOLA AMAN	66	BANGLADESH	SA	Indica	Traditionnel	u
33	DIWANI	67	SURINAM	LAM	Indica	Amélioré	u
34	DULAR	9	INDIA	SA	Aus-boro	Amélioré	u
35	ELONI	243	SURINAM	LAM	Indica	Amélioré	2
36	FANDRAPOTSY 104	10	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	1
37	FEDEARROZ 2000	70	COLOMBIA	LAM	Indica	Amélioré	2
38	FEDEARROZ 50	71	COLOMBIA	LAM	Indica	Amélioré	u
39	FR13A	11	INDIA	SA	Aus-boro	Amélioré	u
40	GAJPATI	72	NEPAL	SA	Indica	Traditionnel	u
41	GAMBIAKA	12	BURKINA FASSO	WAF	Indica	Traditionnel	3
42	GAMBIAKA KOKOUM	73	MALI	WAF	Indica	Traditionnel	3
43	GIE 57	75	VIETNAM	SEA	Indica	Amélioré	3
44	GOCHI BORO	76	INDIA	SA	Aus-boro	Traditionnel	u
45	GOGO LEMPAK	307	INDONESIA	EQA	Japonica	Traditionnel	u
46	GOPAL	77	NEPAL	SA	Indica	Traditionnel	3
47	GWA NGASEIN	79	MYANMAR	SEA	Indica	Traditionnel	3
48	HASAN SERAI	81	INDIA	SA	Indica	Traditionnel	u
49	IM 16	83	BURKINA FASSO	WAF	Indica	Amélioré	3
50	IR2006-P12-12-2-2	87	PHILIPPINES	EA	Indica	Amélioré	u
51	IR2307-247-2-2-3	89	PHILIPPINES	EA	Indica	Amélioré	u
52	IR5	93	PHILIPPINES	EA	Indica	Amélioré	u
53	IR50	94	PHILIPPINES	EA	Indica	Amélioré	2
54	IR52	95	PHILIPPINES	EA	Indica	Amélioré	u
55	IR55419-04	98	PHILIPPINES	EA	Indica	Amélioré	2

56	IR60	101	PHILIPPINES	EA	Indica	Amélioré	u
57	IR64	15	PHILIPPINES	EA	Indica	Amélioré	2
58	IR72	103	PHILIPPINES	EA	Indica	Amélioré	u
59	IRAT 121	106	MADAGASCAR	EAF	Indica	Amélioré	1
60	JAMAJIGI	107	MALI	WAF	Indica	Traditionnel	2
61	JC120	108	INDIA	SA	Indica	Amélioré	3
62	JC91	109	INDIA	SA	Indica	Amélioré	3
63	JENGAR	110	NEPAL	SA	Indica	Traditionnel	u
64	KALILA MENA	111	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	3
65	KALINGA III	112	INDIA	SA	Aus-boro	Amélioré	3
66	KARASUKARA SURANKASU	362	TAIWAN	EA	Japonica	Traditionnel	u
67	KARKATI 87	113	BANGLADESH	SA	Indica	Traditionnel	3
68	KASALATH	114	INDIA	SA	Aus-boro	Traditionnel	u
69	KATI	115	BHUTAN	SA	Indica	Traditionnel	3
70	KAW LUYOENG	116	THAILAND	SEA	Indica	Traditionnel	3
71	KHAO DAWK MALI 105	18	THAILAND	SEA	Indica	Amélioré	3
72	KIANG CHOU CHIU	118	TAIWAN	EA	Indica	Traditionnel	3
73	KITRANA 1890	119	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	u
74	KITRANA 508	120	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	u
75	LAL AMAN	123	BANGLADESH	SA	Indica	Amélioré	u
76	LOHAMBITRO 224	125	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	1
77	MADINIKA 1329	127	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	1
78	MAKALIOKA 34	128	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	1
79	MALADY	129	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	1
80	MAMORIAKA 114	130	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	1
81	MENAHODITRA 1234	132	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	1
82	MTU 9	133	INDIA	SA	Indica	Traditionnel	u
83	N 22	22	INDIA	SA	Aus-boro	Traditionnel	u
84	NAM SA GUI 19	135	THAILAND	SEA	Indica	Traditionnel	3
85	NGAJA	136	BHUTAN	SA	Indica	Traditionnel	u
86	NIONOKA	137	MALI	WAF	Indica	Amélioré	2
87	NONA BOKRA	138	INDIA	SA	Indica	Traditionnel	u
88	O LUEN CHEUNG	139	TAIWAN	EA	Indica	Traditionnel	3
89	ORYZICA LLANOS 5	140	COLOMBIA	LAM	Indica	Amélioré	u
90	ORYZICA SABANA 10	141	COLOMBIA	LAM	Indica	Amélioré	u
91	PA TOU HUNG	142	CHINA	EA	Indica	Traditionnel	3
92	PAPPAKU	144	TAIWAN	EA	Indica	Traditionnel	u
93	PCT11\0\0\2,BO\1>55-1-3	146	COLOMBIA	LAM	Indica	Amélioré	u
94	PEH KUH	147	TAIWAN	EA	Indica	Traditionnel	u
95	PEH KUH TSAO TU	148	TAIWAN	EA	Indica	Traditionnel	3
96	PELITA JANGGUT	149	INDONESIA	EQA	Indica	Traditionnel	2
97	PETA	150	INDONESIA	EQA	Indica	Traditionnel	2
98	PIN TAWNG	151	THAILAND	SEA	Indica	Traditionnel	3
99	POKKALI_1	152	INDIA	SA	Indica	Traditionnel	1
100	POKKALI_2	153	SRI LANKA	SA	Indica	Traditionnel	1
101	POPOT	154	INDIA	SA	Indica	Traditionnel	3
102	PTB 25	155	INDIA	SA	Indica	Amélioré	1
103	PURBIA	156	NEPAL	SA	Indica	Traditionnel	3
104	RATHAL 2	157	SRI LANKA	SA	Indica	Traditionnel	u
105	RATHUWEE	158	SRI LANKA	SA	Indica	Traditionnel	u
106	RAY JAZAYKAYZ	159	BHUTAN	SA	Indica	Traditionnel	3
107	RAY NABJA	160	BHUTAN	SA	Indica	Traditionnel	3
108	ROJOFOTSY 693	162	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	u
109	ROJOKELY	163	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	1
110	ROJOMENA 1034	164	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	u
111	ROJOMENA B48	165	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	1

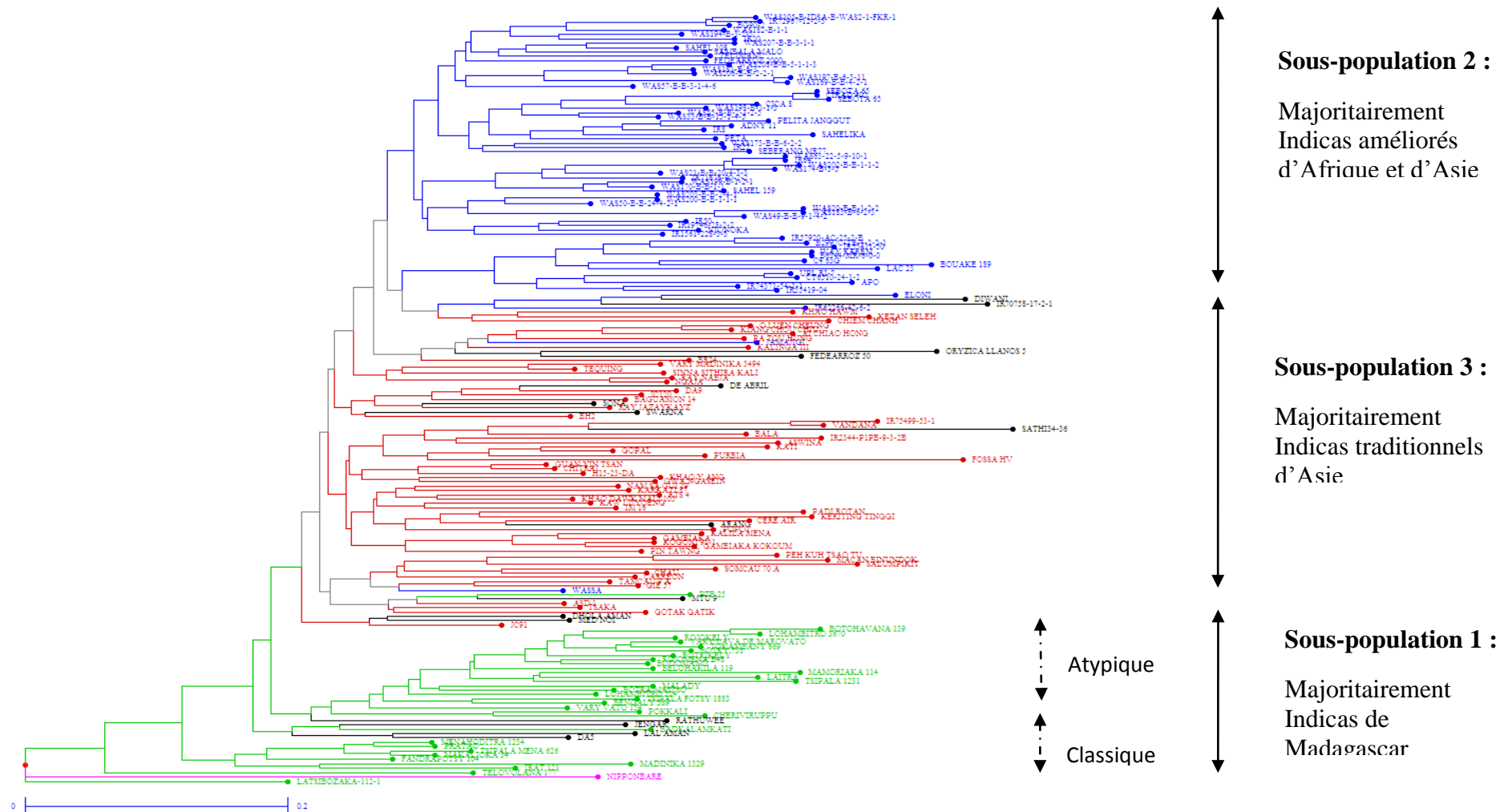
112	RTS 12	166	VIETNAM	SEA	Indica	Amélioré	u
113	RTS 14	167	VIETNAM	SEA	Indica	Amélioré	u
114	RTS 4	168	VIETNAM	SEA	Indica	Amélioré	3
115	RTS 5	169	VIETNAM	SEA	Indica	Amélioré	u
116	S 624	170	INDIA	SA	Indica	Amélioré	u
117	SAHEL 108	171	SENEGAL	WAF	Indica	Amélioré	2
118	SAHEL 159	172	SENEGAL	WAF	Indica	Amélioré	2
119	SAHELIKA	173	MALI	WAF	Indica	Amélioré	2
120	SALUMPIKIT	174	PHILIPPINES	EA	Indica	Traditionnel	3
121	SAO	176	THAILAND	SEA	Indica	Traditionnel	u
122	SATHI34-36	177	INDIA	SA	Indica	Traditionnel	u
123	SEBOTA 65	179	BRAZIL	LAM	Indica	Amélioré	2
124	SHAI KUH	180	CHINA	EA	Indica	Traditionnel	u
125	SHORT GRAIN	181	THAILAND	SEA	Indica	Traditionnel	u
126	SOMCAU 70A	184	VIETNAM	SEA	Indica	Traditionnel	3
127	SWARNA	187	INDIA	SA	Indica	Amélioré	u
128	TAICHUNG NATIVE 1	188	TAIWAN	EA	Indica	Traditionnel	u
129	TAMCAU 9 A	189	VIETNAM	SEA	Indica	Traditionnel	3
130	TELIMANI	190	MALI	WAF	Indica	Traditionnel	2
131	TELOVOLANA 177	191	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	1
132	TEQUING	25	CHINA	EA	Indica	Traditionnel	u
133	TETEP	192	VIETNAM	SEA	Indica	Traditionnel	u
134	THAPACHINIYA	193	NEPAL	SA	Indica	Traditionnel	u
135	THIERNO BANDE	194	SENEGAL	WAF	Indica	Traditionnel	u
136	TOKAMBANY 663	195	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	u
137	TOKAMBANY 669	196	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	1
138	TSAKA	197	BHUTAN	SA	Indica	Traditionnel	3
139	TSIPALA 1231	198	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	1
140	TSIPALA FOTSY 1883	200	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	1
141	TSIPALA MENA 626	201	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	1
142	UPL RI-5	202	PHILIPPINES	EA	Indica	Amélioré	3
143	UPL RI-7	203	PHILIPPINES	EA	Indica	Amélioré	3
144	VANDANA	204	INDIA	SA	Aus-boro	Amélioré	3
145	VARY MADINIKA 3494	206	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	3
146	VARY VATO 154	207	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	1
147	VARY VATO 462	208	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	u
148	VATO MATSOAMALONA	209	MADAGASCAR	EAF	Indica	Traditionnel	u
149	WAB 706-3-4-K4-KB-1	210	IVORY COAST	WAF	Indica	Amélioré	u
150	WAS105-B-IDS-A-B-WAS2-1-	211	SENEGAL	WAF	Indica	Amélioré	2
151	WAS169-B-B-4-2-1	212	SENEGAL	WAF	Indica	Amélioré	2
152	WAS181-B-6-3	216	SENEGAL	WAF	Indica	Amélioré	2
153	WAS182-B-1-1	217	SENEGAL	WAF	Indica	Amélioré	2
154	WAS183-B-6-2-3	218	SENEGAL	WAF	Indica	Amélioré	2
155	WAS194-B-3-2-5	219	SENEGAL	WAF	Indica	Amélioré	2
156	WAS197-B-6-3-11	220	SENEGAL	WAF	Indica	Amélioré	2
157	WAS20-B-B-1-2-2	229	SENEGAL	WAF	Indica	Amélioré	2
158	WAS200-B-B-1-1-1	223	SENEGAL	WAF	Indica	Amélioré	2
159	WAS202-B-B-1-1-2	224	SENEGAL	WAF	Indica	Amélioré	2
160	WAS207-B-B-3-1-1	227	SENEGAL	WAF	Indica	Amélioré	2
161	WAS208-B-B-5-1-1-3	228	SENEGAL	WAF	Indica	Amélioré	2
162	WAS30-11-4-6-2-2-1	231	SENEGAL	WAF	Indica	Amélioré	2
163	WAS49-B-B-9-1-4-2	233	SENEGAL	WAF	Indica	Amélioré	2
164	WAS50-B-B-24-4-2-1	234	SENEGAL	WAF	Indica	Amélioré	2
165	WAS55-B-B-2-1-2-5	235	SENEGAL	WAF	Indica	Amélioré	2
166	WAS57-B-B-3-1-4-6	236	SENEGAL	WAF	Indica	Amélioré	2
167	WAS62-B-B-17-1-1-3	237	SENEGAL	WAF	Indica	Amélioré	2
168	WASSA	239	MALI	WAF	Indica	Traditionnel	2



169	WAY RAREM	240	INDONESIA	EQA	Indica	Amélioré	2
170	ZALCHA	241	BHUTAN	SA	Indica	Traditionnel	u

EA = Asie de l'Est, EAF = Afrique de l'Est, EQA = Asie équatoriale, LAM = Amérique latine, SA = Asie du Sud, SEA = Asie du Sud-Est, WAF = Afrique de l'Ouest. Structure : 1= Indica de Madagascar, 2 = Indicas améliorés d'Afrique et d'Asie, 3 = Indicas traditionnels, u= unknown.

**Annexe 2 :** Dendrogramme représentant la diversité génétique du panel indica à partir de 25 marqueurs microsatellites. En rose, la variété de référence Nipponbare (japonica) qui remplace Azucena. Les 3 couleurs sur le dendrogramme (bleue, rouge et verte) représentent les trois sous-populations définies par le logiciel Structure. La couleur noire représente les variétés qui sont jugées intermédiaires par le logiciel.



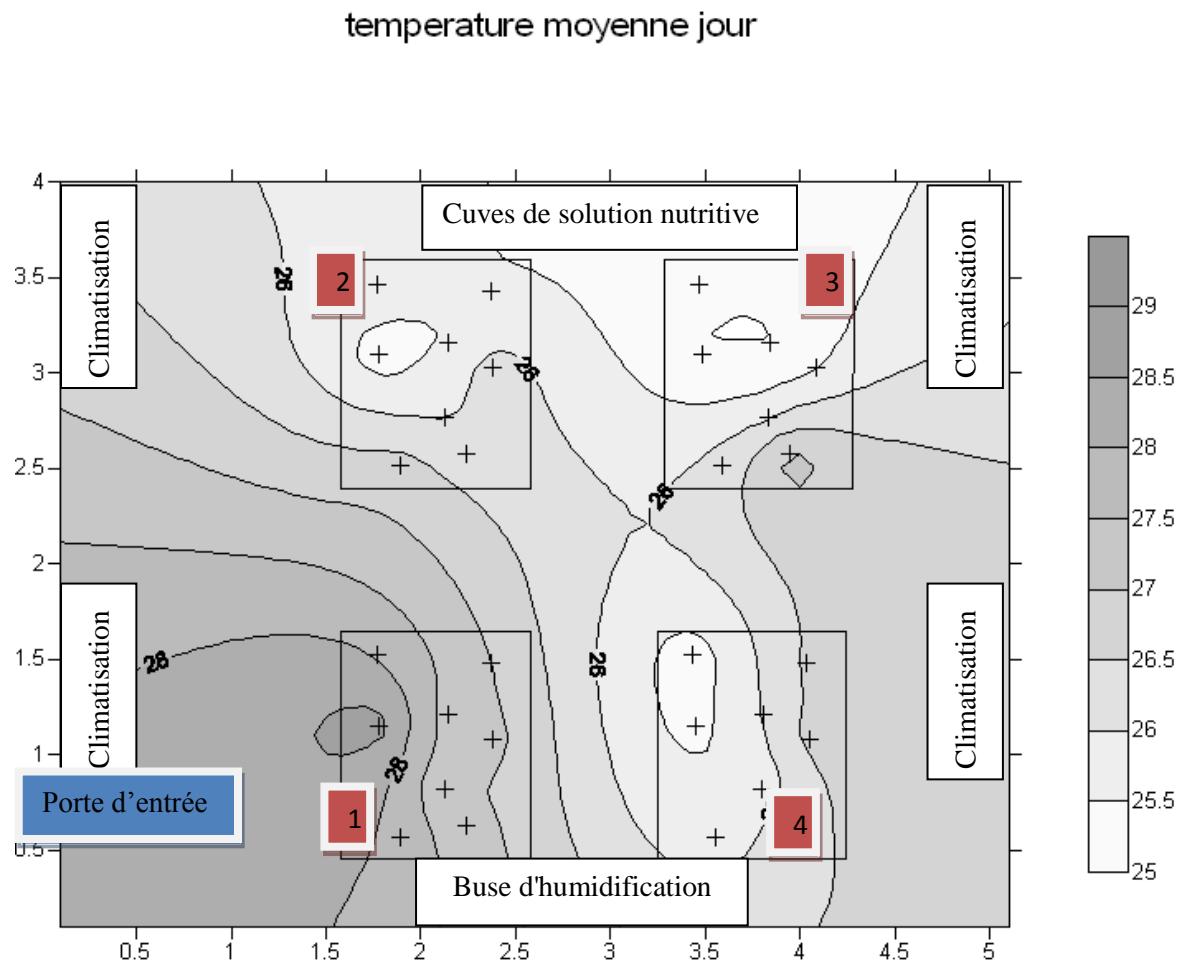
**Annexe 3 :** Composition de la solution nutritive.

Groupe de solution	Sel	Poids moléculaire	Solution-mère (g/l)	Concentration solution-mère (mM)	Concentration finale (mM)	Quantité solution finale (en l) *
NH4 + Mg <b>incorporer en 1</b>	(NH4)2SO4	132.14	33	250	0,5	8
	MgSO4.7H2O	246.49	197,2	800	1,6	
Ca + K <b>2<sup>ème</sup></b>	Ca(NO3)2.4H2O	236.15	141,7	600	1,2	8
	KNO3	101.11	35,4	350	0,7	
Oligo-elements <b>3<sup>ème</sup></b>	MnSO4.H2O	169.02	1,7	10	10	4
	(NH4)6Mo7O24.4H2O	1235.6	0,2	0,16	0,16	
	ZnSO4.7H2O	287.54	0,2	0,7	0,7	
	CuSO4.5H2O	249.68	0,2	0,8	0,8	
	H3BO3	61.83	1,4	22,6	22,6	
FeEDTA <b>4<sup>ème</sup></b>	FeSO4	278	5,56	20	100	20
	Na2EDTA	372.24	7,44	20	100	
KH2PO4 <b>5<sup>ème</sup></b>	KH2PO4	136.09	27,2	200	0,4	8

\* Pour les 3750 l de solution nutritive

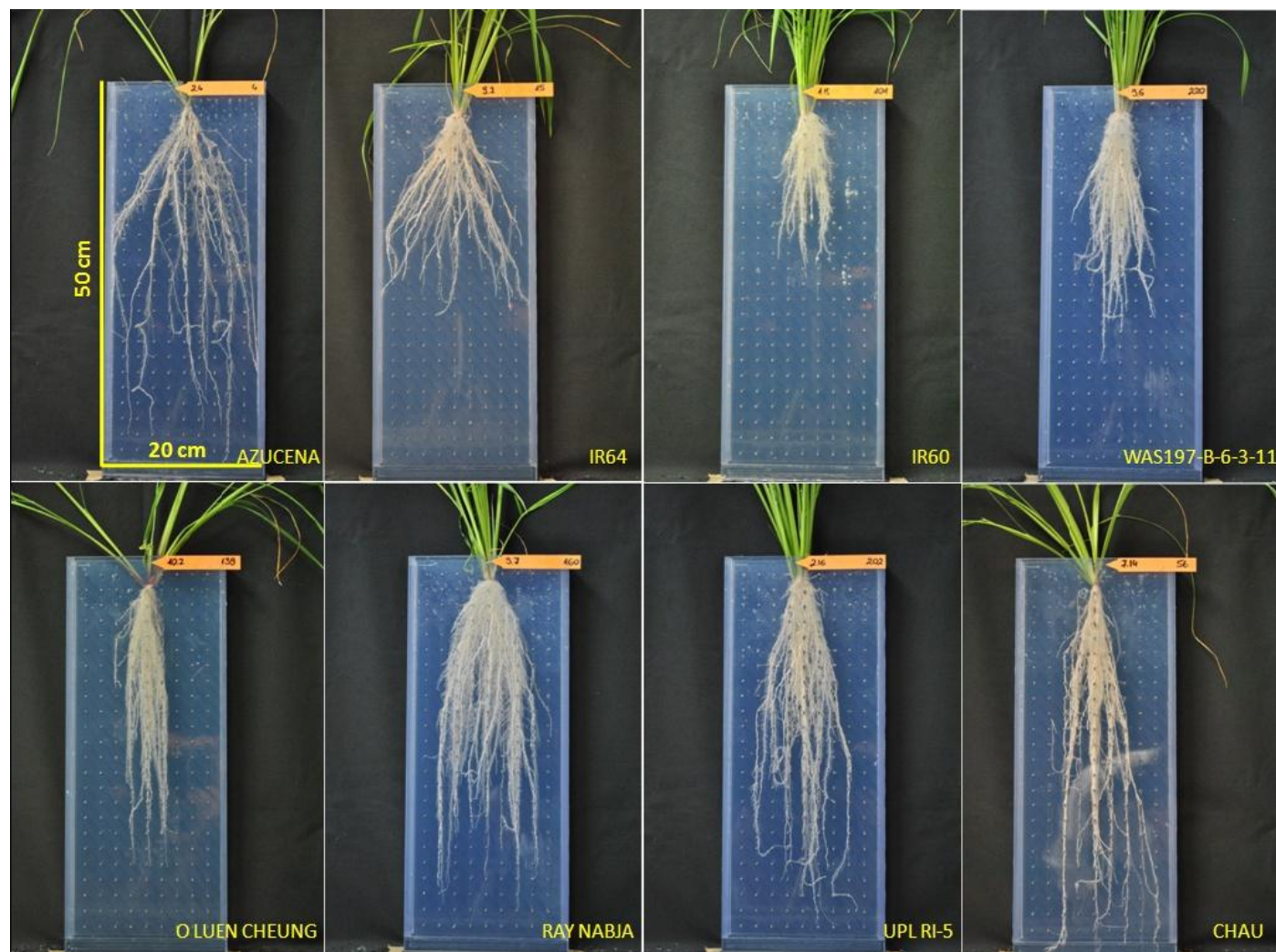
**Annexe 4 : Cartographie des températures dans le Rhizoscope (répétition 2).**

Position des 4 blocs, de la porte d'entrée, des climatiseurs, et de la buse d'humidification. Définie par logiciel Surfer (source : Audebert A.)



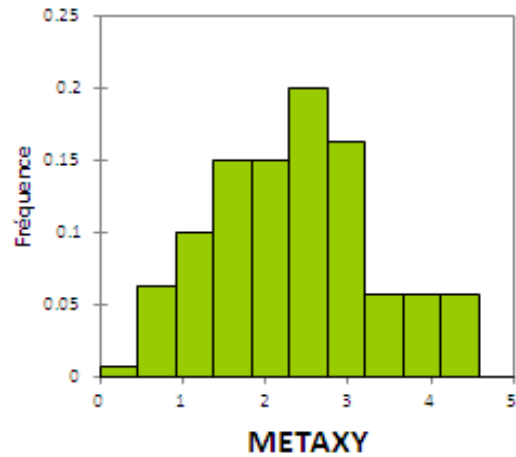
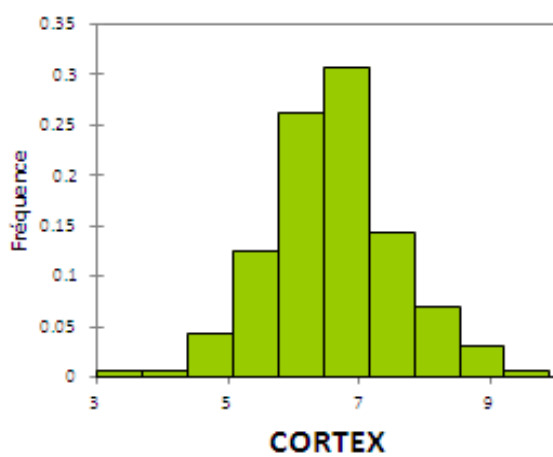
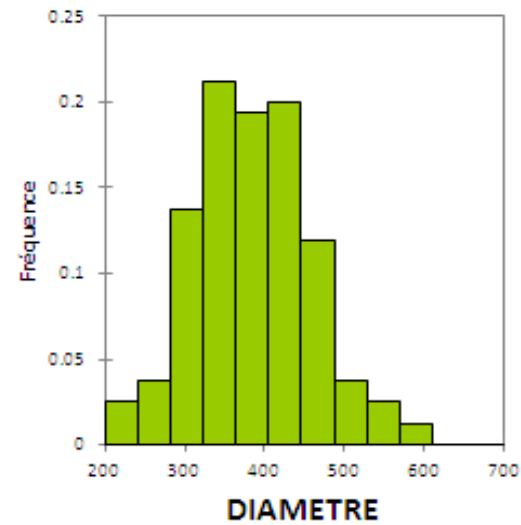
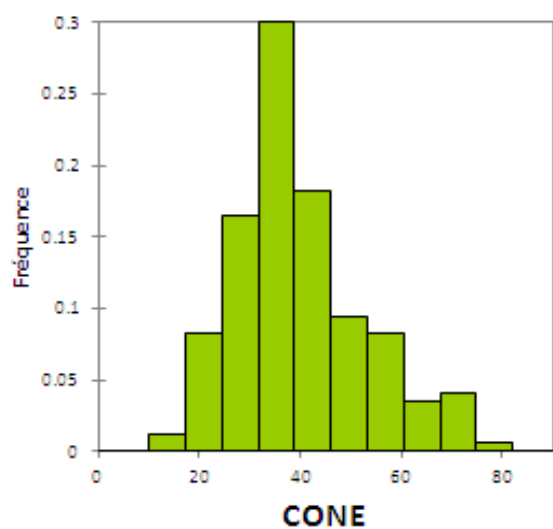
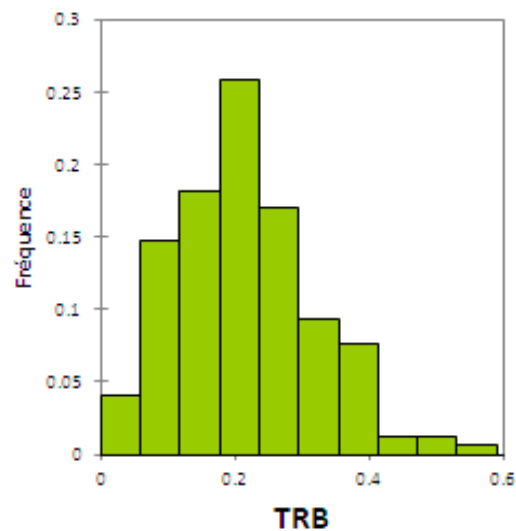
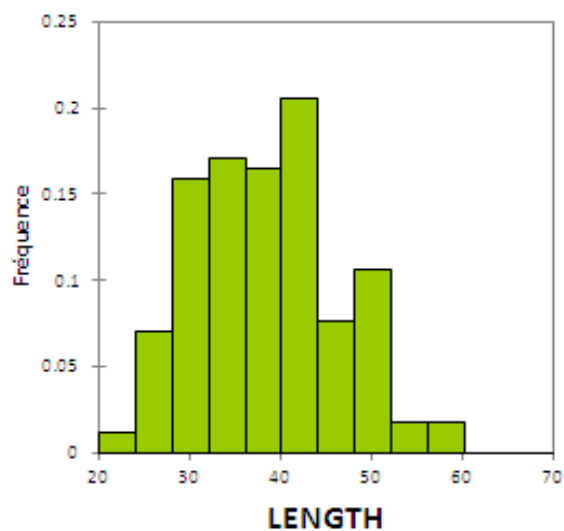
**Annexe 5 :** Variabilité du système racinaire de variétés de riz indica phénotypées dans le Rhizoscope.

Le nom de variété de gauche à droite, de haut en bas : Azucena, IR64, IR60, WAS197-B-6-3-11, O LUEN CHEUNG, RAY NABJA, UPL RI-5 et CHAU.



**Annexe 6 :** Histogrammes des distributions de certains des caractères mesurés.

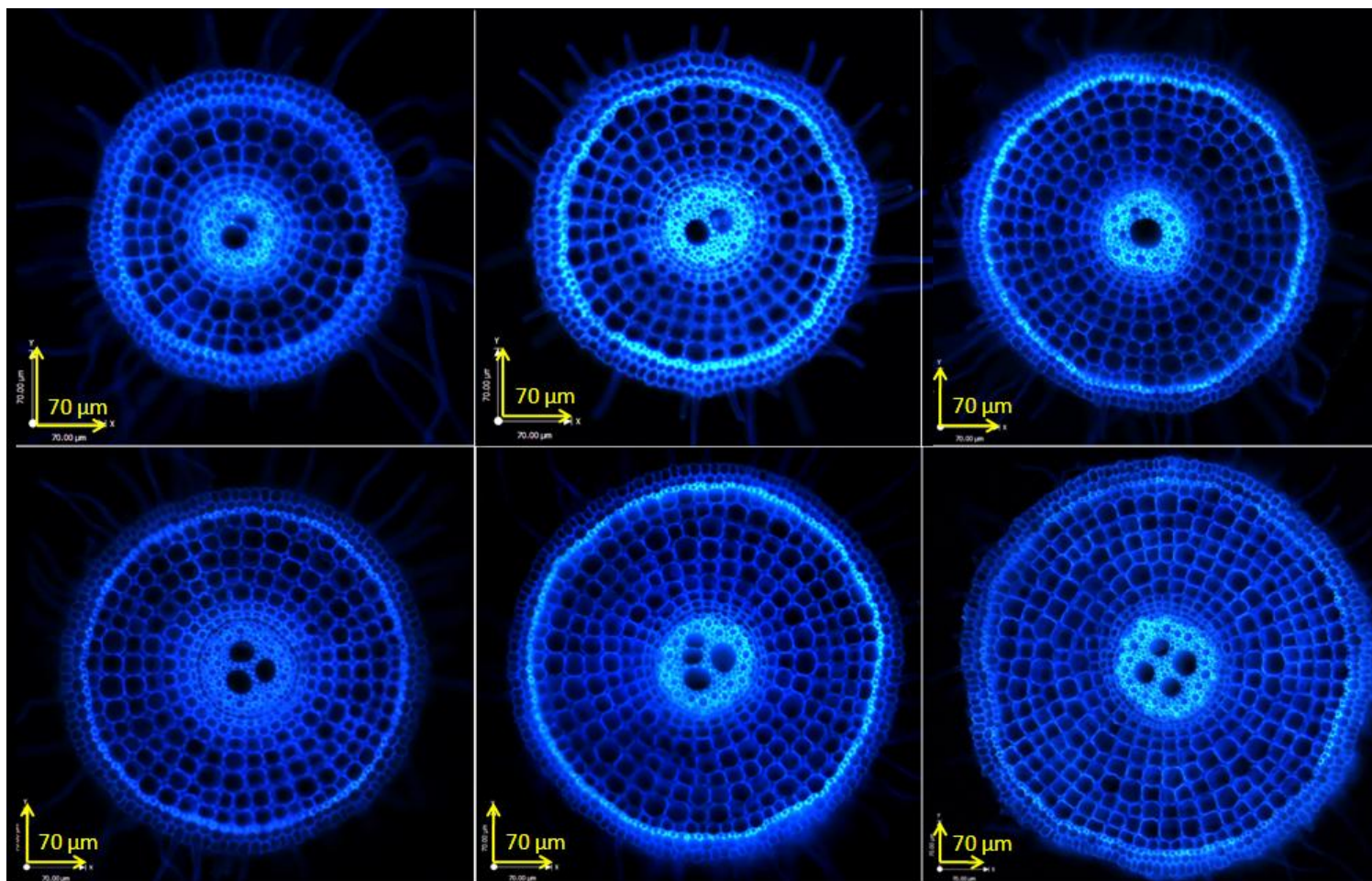
LENGTH : Longueur maximale des racines, TRB = Masse totale de racines, CONE = Angle du cône racinaire, DIAMETRE = Diamètre général de la racine, CORTEX = Nombre de couches cellulaire du cortex, METAXY = Nombre de vaisseaux du xylème.





**Annexe 7 :** Variation de diamètre de racines de riz.

Le nom de variété de gauche à droite, de haut en bas: TAICHUNG NATIVE 1, S 624, RTS 14, ZALCHA, IR64 et CARREON.



## **Résumé**

Le riz est la première céréale pour l'alimentation humaine. Il nourrit chaque jour plus de 2,6 milliards de personnes. Dans un contexte de changement climatique, la création de nouvelles variétés résistant à la sécheresse est nécessaire. La partie racinaire qui permet à la plante de résister au stress hydrique est cruciale. Cette étude a pour but d'identifier des variétés à système racinaire profond et épais. Elle a été menée sur 166 variétés de riz du type indica et 4 variétés témoins, âgées de 30 jours. Nous avons dans un premier temps observé des paramètres de profondeur racinaire dans un système semi-hydroponique. Nous avons ensuite analysé différents paramètres anatomiques en utilisant un microscope à épi-florescence. Les résultats nous montrent une très large variabilité génétique des caractères étudiés. Dans le fond génétique indica, les paramètres de profondeur et de diamètre racinaire sont faiblement corrélés. L'angle du cône racinaire est faiblement lié à la profondeur des racines. La profondeur des racines dépend surtout du groupe génétique d'appartenance. Toutefois, avec une analyse en composante principale, nous avons pu identifier des variétés intéressantes qui associent racines profondes et épaisses telles que Somcau 70A, Carreon, Chau, Short Grain, Salumpikit et Gogo Lempak. Le résultat de cette étude pourra servir ultérieurement pour une étude d'association entre caractères phénotypiques et génotypes.

**Mots clé :** riz, groupe indica, système racinaire, résistance à la sécheresse, stress hydrique, sélection, étude d'association.

## **Abstract**

Rice is the first cereal for human consumption. This cereal feeds more than 2.6 billion people every day. In a context of global climate change, it is necessary to develop new drought-resistant rice varieties. The root part is crucial to enable plants to avoid water stress. This study aims at identifying varieties with deep and thick roots. It was conducted on 166 varieties of indica group and 4 checks. We have first measured root depth parameters on these plants in a semi-hydroponic system. We have then analyzed anatomical parameters using fluorescence microscopy. The results show the wide variation of traits. In the indica background, root depth and thickness parameters are not strongly correlated. The root cone angle is weakly linked to root depth. The genetic group effect influences strongly root depth. However, with a principal component analysis, we could identify some interesting varieties associating deep and thick roots such as Somcau 70A, Carreon, Chau, Short Grain, Salumpikit and Gogo Lempak. The results of this study will be used for association study linking phenotypic traits and genotypic data.

**Key words:** rice, indica group, root system, drought resistance, breeding, association study.